



## Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2014

Hjulsager, Charlotte Kristiane; Breum, Solvej Østergaard; Trebbien, Ramona; Larsen, Lars Erik; Therkildsen, Ole Roland; Madsen, Jesper Johannes; Thorup, Kasper; Handberg, Kurt; Jørgensen, Poul Henrik

*Publication date:*  
2015

*Document version*  
Også kaldet Forlagets PDF

*Citation for published version (APA):*  
Hjulsager, C. K., Breum, S. Ø., Trebbien, R., Larsen, L. E., Therkildsen, O. R., Madsen, J. J., Thorup, K., Handberg, K., & Jørgensen, P. H. (2015). *Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2014*. Veterinærinstituttet, Danmarks Tekniske Universitet.

# **Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2003-2011**

En oversigt over resultater fra overvågningen af aviær influenza i  
Danmark i perioden 2003-2011.

## Forord

Denne rapport giver en oversigt over overvågningsaktiviteterne rettet mod aviær influenza (AI) i Danmark i perioden 2003-2011 med fokus på den aktive og den passive virologiske overvågning af vilde fugle indsamlet på forskellige lokaliteter i Danmark. Endvidere gives der en kort beskrivelse af overvågningen i fjerkræ og opdrættet fjervildt og en sammenfatning af udbrud af aviær influenza i fjerkræ i samme periode, med fokus på lavpatogene (LP) AI virus. Kun i 2006 er der konstateret højpatogen (HP) AI i Danmark og dette omtales kun kort. Fødevarestyrelsen (FVST) har udgivet en separat rapport, der omhandler fund af HP H5N1 i 2006 (FVST, 2007).

Rapporten inkluderer endvidere resultater af retrospektive molekylærbiologiske undersøgelser af udvalgte virus isolater.

Resultaterne er sat i relation til resultater af tilsvarende overvågningsprogrammer i andre europæiske lande.

Uoverensstemmelser med opgørelser af data udført i andre sammenhænge kan tillægges forskelle i måderne at opgøre data på, ligesom der er udført opfølgende subtypning af især virus fra 2010 og 2011 med nyetablerede molekylærbiologiske metoder på DTU Veterinærinstituttet (VET) i 2012.

Laboratorieundersøgelserne er udført af Veterinærinstituttet, med mindre andet er nævnt. Prøverne er indsamlet i et samarbejde mellem VET; FVST; det tidligere Danmarks Miljøundersøgelser, Aarhus Universitet (DMU), i dag DCE – Nationalt Center for Miljø og Energi, Aarhus Universitet; Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet (SNM); og Naturstyrelsen (NS).

Overvågningen er hvert år planlagt af de involverede parter for det pågældende kalenderår. Omfanget og fremgangsmåderne har varieret mellem de enkelte år baseret på tilstedeværende ressourcer, tilgængelige metoder, indhøstet erfaring og vejledninger fra EU. I lighed med overvågningen har afrapporteringen hvert år været tilpasset ønsker og krav fra nationale myndigheder og EU.

*København den 10. juni 2014*

Charlotte Kristiane Hjulsager, Veterinærinstituttet; DTU

Solvej Østergaard Breum, tidl. Veterinærinstituttet; DTU

Ramona Trebbien, tidl. Veterinærinstituttet; DTU

Lars Erik Larsen, Veterinærinstituttet; DTU

Ole Roland Therkildsen, DCE – Nationalt Center for Miljø og Energi, tidligere DMU; AU

Jesper Johannes Madsen, Statens Naturhistoriske Museum; KU

Kasper Thorup, Statens Naturhistoriske Museum, KU

Kurt Handberg, tidl. Veterinærinstituttet; DTU

Poul Henrik Jørgensen, tidl. Veterinærinstituttet; DTU

## Sammenfatning

Aviær influenza (AI) er en smitsom virusinfektion, som kan smitte alle fuglearter, og er forårsaget af influenza A virus. Influenza A virus kan inficere mange dyrearter inkl. mennesker, grise, heste og tamfugle, men vilde fugle menes at udgøre det naturlige reservoir og kan være kilde til introduktion af virus til fjerkræflokke.

Rapporten beskriver resultaterne af de aktive og passive overvågningsprogrammer der har været gennemført for AI i Danmark i perioden 2003-2011. Endvidere beskrives forløbet af de H5/H7 udbrud der har været i Danmark i perioden. Endelig beskrives resultaterne af de retrospektive molekylærbiologiske undersøgelser som er udført på isolerede virus.

Formålet med AI overvågningen i vilde fugle har været at sikre en tidlig påvisning af AI og belyse vilde fugles mulige rolle i spredningen af AI virus. Overvågningen har været fokuseret på AI af typerne H5 og H7. Overvågningsprogrammerne har været tilrettelagt således, at de har opfyldt EU kommissionens skiftende bestemmelser for udformning af overvågningen.

Overvågning for AI i fjerkræ og opdrættet fjervildt har været udført ved en kombination af serologisk screening for antistoffer mod subtype H5 og H7 influenza A virus i fjerkræ og virologisk screening for influenza A virus af opdrættet fjervildt (typisk gråænder og fasaner der udsættes i naturen). Overvågning af vilde fugle har været udført ved virologisk screening for AI virus i døde og syge vilde fugle (passiv overvågning) og virologisk undersøgelse af tilsyneladende raske levende og nedlagte vilde fugle (aktiv overvågning). Den virologiske screening har primært været rettet mod AI med subtyperne H5 og H7, men fund af andre influenza virus i vilde fugle er så vidt muligt blevet subtypet.

I alt 21.098 prøver repræsenterende ca. 26.403 vilde fugle er undersøgt i den aktive overvågning i perioden 2003-2011, heraf udgjorde nedlagt fjervildt fra vildthåndteringsvirksomheder ca. 25 %. I den passive overvågning blev der i alt undersøgt 1.631 fugle i perioden 2006-2011.

I gennemsnit blev 9 % af prøverne fra levende vilde fugle og 32 % af prøverne fra nedlagt fjervildt udtaget på vildthåndteringsvirksomheder testet positive for AI virus, og heraf var 0-9 % positive for H5 eller H7. Disse gennemsnitstal dækker over store forskelle fra år til år som sandsynligvis afspejler indsamlingernes forskellige design og forskelle i artssammensætningen. Flest positive prøver blev fundet i gråænder, andre andefugle og i mågefugle. Årsagen til en relativt højere prævalens af positive prøver i forhold til andre europæiske lande er givetvis, at indsamlingen i løbet af årene blev målrettet arter, som har en høj prævalens af AI virus, og fordi indsamlingerne er foretaget tidsmæssigt og geografisk optimalt med henblik på at sikre størst mulig chance for at påvise AI virus.

Den passive overvågning udført efter 2006 har typisk inkluderet under 100 prøver årligt, hvoraf 1-6 % er fundet positive for AI virus, og enkelte af disse har tilhørt typen LPAI H5 eller H7 virus. Siden 2006 er der ikke påvist HPAI virus i Danmark.

Alle N subtyper og alle H subtyper med undtagelse af H15 blev fundet i minimum en prøve i perioden. De hyppigst påviste gener i virusisolater var H3, H4, H6 og N2, N4, N8.

Der er fundet 33 kombinationer af H og N i perioden. H13 og H16 subtyperne er kun fundet i mågefugle eller skarv, mens de øvrige subtyper er fundet primært i andefugle. De hyppigst fundne subtype kombinationer er H3N8 (n=14), H4N6 (n=14) og H6N2 (n=12).

Generelt har det vist sig at kloaksvabere er mere anvendelige end svælgprøver til påvisning af LPAI, og pooling af prøver har ligeledes vist sig at øge chancen for et positivt resultat, men pooling kan være en uhensigtsmæssig strategi, da det øger sandsynligheden for at prøverne indeholder flere virus, hvilket kan vanskeliggøre tolkning af resultatet af laboratorieundersøgelserne og da det reelle antal inficerede fugle sløres.

Fylogenetisk analyse af M genet fra 58 AI virus isoleret fra danske vildfugle viste, at alle virus fra andefugle indeholdt et M gen, som grupperede sig sammen med eurasiske virus. Analysen af alle otte gensegmenter fra danske virus viste ligeledes, at generne havde størst lighed med gener fundet i virus fra Eurasien. Samlet set viser disse resultater, at de AI virus og AI virusgener der findes i danske andefugle, er af eurasiske oprindelse, og at AI virus i Danmark – lige som i resten af Europa og Asien – indeholder en pool af gener, der udveksles på tværs af geografiske lokaliteter og mellem forskellige AI virus

Fylogenetisk analyse af virus isoleret i udbrud med AI bekræfter, at der sker udveksling af såvel virusgener som hele AI virus mellem vilde fugle og tamfjerkræ under danske forhold. De overbevisende resultater understreger at molekylærbiologiske metoder kan anvendes til kortlægning af smitteveje og til smittesporing af AI virus.

Det kan konkluderes, at det danske overvågningsprogram har fungeret tilfredsstillende de seneste 8 år og opfylder EU og de nationale myndigheders krav. Det bør imidlertid overvejes at indføre rutinemæssig molekylærbiologisk karakterisering af udvalgte isolater.

# Indhold

Forord .....	2
Sammenfatning .....	3
Indhold.....	5
Forkortelser og definitioner .....	7
Indledning.....	8
Aviær influenza.....	8
Overvågning af aviær influenza.....	9
Trækruter og Danmarks centrale placering.....	10
Overvågning af AI i vilde fugle .....	11
2003 .....	11
2004.....	12
2005.....	13
2006.....	13
2007.....	14
2008.....	16
2009.....	17
2010.....	17
2011.....	18
Sammenfatning 2003-2011 .....	20
Overvågning af AI i fjerkræ og opdrættet fjervildt.....	22
Serologiske undersøgelser.....	22
Virologisk overvågning af opdrættet fjervildt. ....	23
Molekylærbiologisk karakterisering .....	24
HA sekventering af LPAI H5 og H7 AI virus.....	24
Genom analyse .....	26
Udbrud af AI H5/H7 i fjerkræ i Danmark .....	30
2003 – LPAI H5N7. ....	30
2006 - HPAI H5N1 .....	31
2006 – tre udbrud af LPAI H5 .....	32
2008 - LPAI H7N1.....	33

2010 - to udbrud af LPAI H7 .....	33
Diskussion .....	35
Referencer .....	39
BILAG. ....	43
Bilag 1. AI fund i den aktive virologiske overvågning af levende vilde fugle i 2003. ....	43
Bilag 2. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2004. ....	44
Bilag 3. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2005. ....	45
Bilag 4. Levende vilde fugle i den aktive AI overvågning 2006. ....	46
Bilag 5. Døde fugle i den passive AI overvågning 2006. ....	48
Bilag 6. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2007. ....	50
Bilag 7. Døde fugle i den passive AI overvågning 2007. ....	53
Bilag 8. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2008. ....	55
Bilag 9. Døde fugle i den passive AI overvågning 2008. ....	58
Bilag 10. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2009. ....	59
Bilag 11. Døde fugle i den passive AI overvågning 2009. ....	63
Bilag 12. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2010. ....	64
Bilag 13. Døde fugle i den passive AI overvågning 2010. ....	67
Bilag 14. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2011. ....	68
Bilag 15. Døde fugle i den passive AI overvågning 2011. ....	69
Bilag 16. Samlet oversigt over prøveudtagning 2003-2011 .....	70
Bilag 17. Subtyper af virusisolater fra overvågningen af vilde fugle .....	71
Bilag 18. Fuldgenomsekventering af AI virus. ....	72

## Forkortelser og definitioner

AI	aviær influenza
AU	Aarhus universitet
DMU	Danmarks Miljøundersøgelser, Aarhus Universitet
DTU	Danmarks Tekniske Universitet
FVST	Fødevarestyrelsen
Gødningsprøver	fugleklatter
HA	hæmagglutinin
HI-test	hæmagglutinationinhibitionstest
HP	højpatogen
KU	Københavns Universitet
LP	lavpatogen
M	matrix
NA	neuraminidase
NS	Naturstyrelsen
PCR	polymerase chain reaction, udtrykket dækker i denne rapport også over varianten RT-PCR (reverse transkriptase PCR)
SNM	Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet
VI	virusisolation i hønseæg
Virologisk test	undersøgelse for virus med PCR eller VI
Serologisk test	undersøgelse for antistoffer
VET	Veterinærinstituttet, Danmarks Tekniske Universitet
ZM	Zoologisk Museum, nu Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet



# Indledning

## Aviær influenza

Aviær influenza (AI) er en smitsom virusinfektion, som kan angribe alle fuglearter, og er forårsaget af influenza A virus.

Influenza A virus tilhører *Orthomyxoviridae* virusfamilien, og har et negativ-sense, enkeltstrenget, segmenteret RNA genom. Influenza A virus kan inficere mange værtsarter inkl. mennesker, grise, heste og tamfugle. Vilde fugle af ordenerne *Anseriformes* (ænder, gæs og svaner) og *Charadriiformes* (måger, terner og vadefugle) menes at udgøre det naturlige reservoir for influenza A virus (Verhagen et al. 2011).

Influenza A virus er meget forskellige. Mest udtalt er den genetiske og antigene variation af overfladeproteinerne hæmagglutinin (HA) og neuraminidase (NA). Virus klassificeres ud fra den antigene variation af disse HA og NA proteiner. I fugle kendes 16 antigene varianter af HA og 9 antigene varianter af NA. De findes i mange kombinationer, og disse såkaldte virussubtyper (fx H1N1, H5N1 og H7N3) anvendes i influenza A virus klassifikation og nomenklaturen. AI virus kan yderligere klassificeres på baggrund af deres patogene fænotype i kyllinger. Højpatogen aviær influenza (HPAI) er en akut systemisk sygdomstilstand i fjerkræ, hvor mortaliteten kan nå op mod 100 %. HPAI er begrænset til virus af subtyperne H5 og H7, men det er ikke alle H5 og H7 virus der er højpatogene. Alle andre aviære influenzavirus er lavpatogene (LPAI), og forvolder mildere eller ingen sygdom (Verhagen et al. 2011). Udvikling af AI efter infektion med AI virus er værtsafhængig, således at et givent virus i nogle arter giver kliniske symptomer og i andre ikke, eller i mildere form. LPAI virus, og mere sjældent HPAI virus, forekommer naturligt hos vilde fugle (Alexander, 2000).

Udbrud af HPAI i fjerkræ kendes tilbage til år 1959, hvor det første udbrud med HPAI H5N1 skete i høns i Skotland. Frem til omkring år 2003 har der været ca. 20 udbrud med HPAI H5 eller H7 virus på verdensplan, og frekvensen af udbrud har været stigende. De fleste udbrud har været i høns, som typisk har involveret fra tusindvis til millioner af dyr (Alexander, 2007). I år 2003 ændrede situationen sig imidlertid dramatisk, idet HP H5N1 af asiatisk oprindelse blev endemisk forekommende i dele af Asien og bredte sig til Europa og Afrika, hvor virus har været årsag til udbrud i vilde fugle og/eller fjerkræ i over 60 lande, heraf 24 europæiske (Cattoli et al. 2009). Udover at være et problem i fjerkræproduktionen, anses HPAI H5N1 virus for at være en betydelig human trussel med mere end 300 fatale tilfælde og en frygt for, at dette virus vil kunne udvikle sig til et højmortalt virus med pandemisk potentiale (Capua and Alexander, 2007).

Ved udbrud af HPAI i fjerkræ, især i tamænder der opdrættes på friland, vil der være risiko for overførsel til vildfugle populationen (Alexander, 2007) og virus kan potentielt spredes over store afstande af vilde fugle, især hvis de ikke, eller kun i ringe grad, er afficeret af infektionen med virus (Keawcharoen et al. 2008).

LPAI virus kan mutere til HPAI virus. Aminosyre sekvensen omkring HA kløvningsstedet er afgørende for patogeniciteten, men konstellationen af de øvrige gener og individuelle genmutationer spiller ligeledes en rolle for patogeniciteten (Hatta et al. 2001; Stech et al. 2009). De faktorer der bevirker transition fra LPAI til HPAI kendes ikke. I nogle tilfælde ser det ud til at virus har muteret fra LPAI til HPAI umiddelbart efter introduktion af LPAI virus, mens LPAI virus i andre tilfælde har cirkuleret i månedsvis før den/de nødvendige mutationer er sket (Banks et al. 2001). Det er således rimeligt at antage, at risikoen for, at ændringen fra

LPAI til HPAI vil ske, afhænger af hvor længe og hvor mange LPAI virus der cirkulerer i en flok (Alexander, 2007). Dermed er det en uønsket situation at have LPAI H5/H7 virus cirkulerende i fjerkræflokke, og således er det vigtigt at undgå introduktion af LPAI H5/H7 virus. Hvis introduktion sker, er en hurtig diagnose og effektiv bekæmpelse f.eks. ved depopulation af yderste vigtighed. Vilde fugle er ofte identificeret som mulig kilde til introduktion af virus til fjerkræflokke (Alexander, 2007). Dette kan ske enten ved direkte kontakt eller indirekte kontakt, hvor andre dyrearter eller mennesker mekanisk har båret virus ind i flokken. Denne sekundære transmission af virus er i nogle større udbrud af AI, kædet sammen med bevægelse af personale og materiel mellem besætninger. Virus er stabilt i forskellige miljøer, og kan overleve i længere tid i f.eks. overfladevand, som dermed udgør en kilde til virus og bidrager til cirkulation af virus i bestanden af vilde fugle, især vandfugle (Alexander, 2007).

LPAI virus kan inddeles i to fylogenetiske hovedlinjer: den eurasiatiske og den amerikanske linje. Denne opdeling af influenzavirus kan forklares ud fra den geografiske og økologiske adskillelse af fugle der benytter trækruter enten over Europa/Asien/Afrika/Australien eller Amerika (Munster and Fouchier, 2009; Verhagen et al. 2011). Ud over den geografiske opdeling af AI virus ses også en opdeling baseret på værtspopulationer. Et eksempel herpå er H13 og H16 subtyper der primært isoleres fra måger og terner (*Charadriiformes*) (Fouchier et al. 2005). Disse AI virus har udviklet sig til en separat genetisk linie, der er forskellig fra AI virus af subtyperne H1 – H12 der primært findes i ænder (*Anseriformes*) (Munster et al. 2007).

## Overvågning af aviær influenza

Formålet med AI overvågningen i vilde fugle er at sikre en tidlig detektion af HPAI og belyse vilde fugles rolle i spredningen af AI virus. Fjerkræ overvåges for AI med det formål at sikre en tidlig detektion af AI virus med subtyperne H5 og H7 i fjerkræ. Overvågning for AI på EU niveau går tilbage til 2002, og Danmark er underlagt EU kommissionens bestemmelser for udformning af overvågningen. Disse har skiftet gennem årene i takt med indhøstede erfaringer.

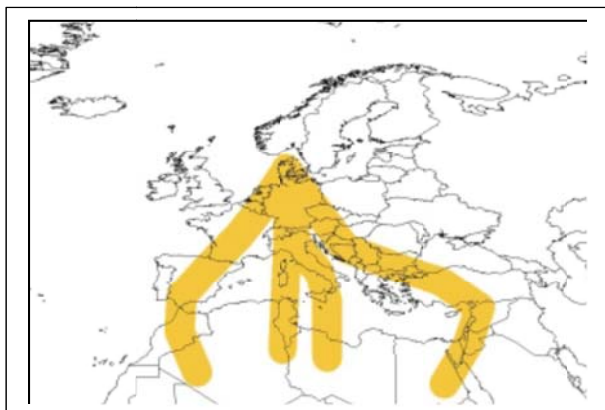
Overvågning for AI er udført ved en kombination af serologisk screening for antistoffer mod subtype H5 og H7 influenza A virus i fjerkræ og virologisk screening for influenza A virus af opdrættet fjervildt. Overvågningen i vilde fugle er udført ved virologisk screening for AI virus i døde og syge vilde fugle (passiv overvågning) og i tilsyneladende raske levende og nedlagte vilde fugle (aktiv overvågning). Den virologiske screening har primært været rettet mod AI med subtyperne H5 og H7, men fund af andre virus i vilde fugle er så vidt muligt blevet subtypet.

Det første overvågningsprogram for AI i Danmark blev udført i efteråret 2002 på prøver udtaget i forbindelse med en epidemiologisk udredning af en dansk Newcastle disease epidemi i sommeren 2002. De følgende år blev overvågningen målrettet undersøgelse af forekomsten af AI virus.

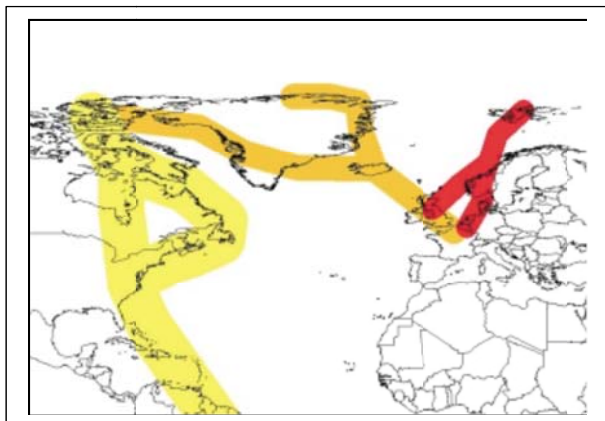
Overvågning af AI udføres i henhold til EU rådsdirektiver. AI overvågning for EU medlemsstater har været obligatorisk siden 2005, hvor HP H5N1 udbrud i EU debuterede.

## Trækruter og Danmarks centrale placering.

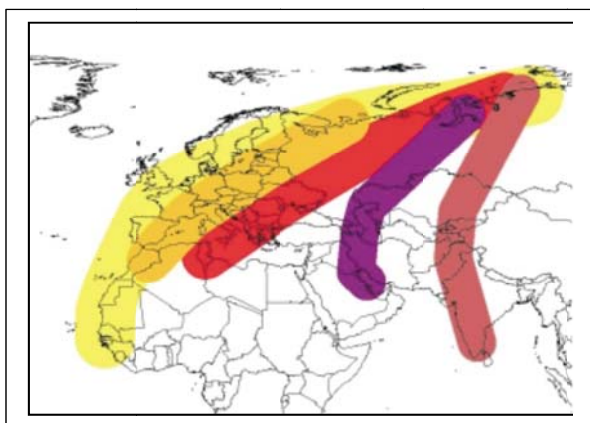
Trækfugle der bevæger sig over store afstande, kan bidrage til spredning af virus på verdensplan. Danmark er i kraft af sin geografiske placering et knudepunkt på efterårstrækket for mange vandfugle, der primært yngler nord og nordøst for Danmark. Enkelte arter kommer dog fra et større område der strækker sig fra det nordøstlige Canada til Nordsibirien. De fleste arter overvintrer i Europa og Nordafrika, men især vadefugle trækker længere mod syd. Alene i efterårs- og vintermånederne opholder omkring 3 millioner andefugle sig i de danske farvande. Det samlede antal vandfugle der trækker gennem landet er dog langt større (Therkildsen, 2003). Figur 1 skitserer hovedtrækruterne mellem yngleområder og vinterkvarterer for en række udvalgte arter, der forekommer i Danmark i løbet af året. De arter der ikke tilhører vandfuglene, men som har været omfattet af overvågningen, fx spurvefugle, er udvalgt på baggrund af deres mulige rolle som bindeled mellem fjerkræ og vandfugle eller fordi de har en nær tilknytning til landbrugsejendomme (Bønløkke et al. 2006; Therkildsen, 2003).



**Figur 1.a. Overordnede trækveje for landfugle der passerer Danmark om efteråret.** De trækker over en bred front ned gennem Europa, men undgår krydsning af åbne havområder i Middelhavsregionen. Enkelte vandfuglearter, f.eks. Skarv trækker ad tilsvarende ruter - langs floder og søer ned til Middelhavet. De indtegnede ruter angiver ikke slutdestinationer, - idet flere landfugle fortsætter til områder syd for Sahara. (Fra: Therkildsen, 2003).



**Figur 1.b. Trækveje for ynglebestande af vandfugle fra det østlige arktiske Canada, Grønland og Svalbard.** De største delbestande i Østcanada og Vestgrønland trækker ad den gule rute langs USA's Atlanterhavskyst, men der er betydeligt overlap mod øst med delbestande der overvintrer i Irland og UK. Fugle fra Svalbard trækker især til Nordsøregionen. (Fra: Therkildsen, 2003).



**Figur 1.c. Trækveje for vandfugle fra det vestarktiske Rusland og Sibirien.** Mange nordvestlige delbestande trækker ad den gule rute - men der er betydeligt overlap mod øst med delbestande der overvintrer i Middelhavet, ved Sortehavet, det Kaspiske Hav, den Persiske Golf og Indien. (Fra: Therkildsen, 2003).

## Overvågning af AI i vilde fugle

Overvågningen af AI i vilde fugle er en virologisk overvågning, dvs. den foregår ved påvisning af virus. Overvågningen er hvert år planlagt af de involverede parter (FVST, indsamlere og Veterinærinstituttet) for det pågældende kalenderår. Omfanget og fremgangsmåderne har varieret mellem de enkelte år baseret på tilstedeværende ressourcer, tilgængelige metoder, indhøstet erfaring og vejledninger fra EU.

Det første overvågningsprogram for AI i Danmark blev udført i efteråret 2002 på prøver udtaget i forbindelse med en epidemiologisk udredning af en dansk Newcastle disease epidemi i sommeren 2002 (Jørgensen et al. 2003). Blodprøver fra 53 hobbybesætninger blev testet serologisk for tilstedeværelsen af AI antistoffer og svaberprøver fra 102 hobbybesætninger blev testet virologisk for tilstedeværelsen af AI virus ved virusisolation (VI). Vilde fugle blev testet virologisk ved undersøgelse af 1730 friske gødningsprøver (fugleklatter) indsamlet fra følgende fugle: skarver, gæs, måger, alliker, råger og krager. Prøverne blev testet som 346 pools. Endvidere blev 240 kloaksvabere, udtaget fra nedlagt fjervildt omfattende gråender og fasaner, undersøgt for virus. De serologiske undersøgelser var negative, mens AI virus blev fundet i tre poolede prøver: H2N3 fra gråand og H16N3 fra henholdsvis måge og skarv.

Overvågningen af AI har siden 2002 været delvist støttet økonomisk af EU. I 2005 blev overvågningen gjort obligatorisk for EU medlemsstater, med særlige krav til udformning af overvågningen. I 2011 blev det frivilligt at udføre den aktive overvågning for AI i vilde fugle, og Danmark udførte her en national aktiv overvågning efter eget design. Resultaterne er hvert år indrapporteret kvartalsvist eller halvårligt til EU af FVST, bortset fra resultaterne af den aktive overvågning i 2011.

Siden november 2006 er resultaterne af den passive overvågning i vilde fugle løbende registreret i databasen "Prøveresultater for fugleinfluenza", der er offentligt tilgængelig via FVST's hjemmeside ([http://webgis-a.le34.dk/fi/oversigt\\_offentlig.php](http://webgis-a.le34.dk/fi/oversigt_offentlig.php)). Resultaterne fra den aktive overvågning af vilde fugle i perioden 2008-2010 er ligeledes registreret i databasen. Der ligger supplerende resultater fra de forskellige overvågningsdele på VET's hjemmeside, inklusiv de serologiske resultater ([http://www.vet.dtu.dk/dyrlaegens\\_indgang/anmeldepligtige\\_sygdomme/fjerkræ/aviaer\\_influenza/fugleinfluenza.aspx](http://www.vet.dtu.dk/dyrlaegens_indgang/anmeldepligtige_sygdomme/fjerkræ/aviaer_influenza/fugleinfluenza.aspx)).

I det følgende beskrives forløbet af overvågningen i vilde fugle år for år i kronologisk rækkefølge, som den er udført i Danmark i perioden 2003 til 2011. Overvågning af fjerkræ og opdrættet fjervildt er omtalt i et separat afsnit.

### 2003

I 2003 blev der udført en aktiv virologisk overvågning af levende vilde fugle (Jørgensen et al. 2004). Der blev indsamlet prøver i to perioder: marts-juni og september-december fra 20 lokaliteter, i form af gødningsprøver fra skarv, vibe, pibesvane, gråand, pibeand, krikand og 6 forskellige arter af gæs, i alt 2895 fugle. Prøverne blev testet for influenzavirus ved PCR og VI. PCR positive prøver blev undersøgt for subtyperne H5 og H7 med PCR specifik for disse subtyper. Tabel 1 viser en oversigt over prøver og resultater. Flere detaljerede informationer på de positive fund fremgår af bilag 1. Virus blev hovedsageligt fundet i andefugle i efterårsmånederne. LPAI H5 og H7 virus kunne detekteres med PCR, men der kunne ikke isoleres virus. AI virus med følgende subtyper blev isoleret fra 15 pools: H1N1, 2xH3N2, H3N6, 3xH3N8,

5xH4N6, H6N5, H6N8 og H10N7. Tolv af disse virus er blevet molekylærbiologisk karakteriseret (Handberg et al. 2010).

I september måned blev der fundet H5N7 LPAI i en gråandebesætning (Therkildsen et al. 2011). Dette udbrud er beskrevet i afsnittet om udbrud af AI i fjerkræ.

**Tabel 1. Oversigt over prøver og resultater i 2003**

	Levende vilde fugle	% af prøver fra levende vilde fugle
Antal fugle	2895 gødningsprøver	
Antal prøver (pools á 5 stk.)	579	
Influenza positive prøver ved PCR	34	5,9
H5 LPAI positive prøver	4	0,7
H7 LPAI positive prøver	2	0,3
Antal virus Isolater fra pools	15	2,6

## 2004

I 2004 udførtes en aktiv virologisk overvågning for AI i vilde fugle, der omfattede nedlagt fjervildt og levende svømmeænder, i alt 3617 fugle. De virologiske undersøgelser blev foretaget i overensstemmelse med metoderne beskrevet i "Rådets direktiv 92/40/EEC om fællesskabs foranstaltninger til bekæmpelse af aviær influenza". Prøverne blev testet for influenzavirus ved PCR i pools á 5 stk. fra samme art, tid og sted, dog blev prøverne fra nedlagte spidsænder testet enkeltvist. PCR positive prøver blev undersøgt for subtyperne H5 og H7 ved PCR specifik for disse subtyper. Vi blev foretaget på alle pools fra indsamlinger (samme fugleart/sted/tid), hvor mindst én pool gav positivt resultat ved PCR undersøgelsen.

I et samarbejde mellem DMU og VET fortsatte den screening af vilde fugle, der blev gennemført i 2003. På 16 udvalgte lokaliteter blev der indsamlet 3090 friske gødningsklatter fra svømmeænder (gråand, krikand, spidsand og pibeand). Herudover blev kloaksvabere fra 47 nedlagte spidsænder indsamlet i perioden september til december. Tabel 2 viser en oversigt over prøver og resultater. Flere detaljerede informationer om de positive fund fremgår af bilag 2. De fundne H5 positive prøver indeholdt LPAI virus med sekvensen PQKETR↓GLF i kløvningssitet. Disse var indsamlet på 5 forskellige lokaliteter i perioden 7. oktober – 17. december, og var repræsenteret i alle de arter som indsamlingen var målrettet imod.

Nedlagt fjervildt fra vildthåndteringsvirksomhederne "Holmegårds Vildt" og "Fårdrup Vildt" på Sjælland, der modtager nedlagte fjervildt fra en stor del af landet, blev undersøgt ved at udtage kloaksvabere fra 480 gråænder i perioden 17. september – 14. december. Ingen af disse prøver var positive for subtyperne H5 eller H7, og der kunne ikke isoleres AI virus fra prøverne.

**Tabel 2. Oversigt over prøver og resultater i 2004**

	Levende vilde fugle	Nedlagt fjervildt	% af prøver fra levende og nedlagte vilde fugle
Antal fugle	3090	527	
Antal prøver (pools á 5 stk. eller enkeltdyr)	618	143	
Influenza positive prøver ved PCR	125	26	19,8
H5 LPAI positive prøver	12	1	1,7
H7 LPAI positive prøver	0	0	0
Antal virus Isolater	10	0	1,3

LPAI H5N2 virus blev isoleret fra to prøver fra de levende vilde fugle. Derudover blev følgende AI virus isoleret med VI: H3N2, H8N1, H6N2, 2xH2N3, H8N4, H3N8, H13N8. Ingen prøver var positive for H7.

## 2005

I 2005 gennemførtes en aktiv overvågning af levende og nedlagte vilde fugle (i alt 2785 fugle) jf. "Kommissionens beslutning (2005/464/EF) af 21. juni 2005 om gennemførelse af undersøgelsesprogrammer vedrørende aviær influenza hos fjerkræ og vilde fugle i medlemsstaterne". Formålet var at tilvejebringe informationer til at belyse lokal spredning af AI virus fra naturlige populationer af trækkende svømmeænder i kystområderne til 'indlands' svømmeænder i form af ænder nedlagt ved jagt. Prøverne blev indsamlet i perioden september til december, som var den periode, hvor der i de foregående år var fundet den højeste prævalens af AI virus. Prøverne blev undersøgt i pools á 5 fra samme art og testet for influenzavirus ved PCR. PCR positive prøver blev undersøgt for subtyperne H5 og H7 ved PCR specifik for disse subtyper. Der blev foretaget VI af alle pools fra indsamlinger (fugleart/sted/tid), hvor mindst én pool var positiv ved PCR. Tabel 3 viser en oversigt over prøver og resultater. Flere detaljerede informationer på de positive fund fremgår af bilag 3.

I samarbejde med DMU, fortsattes den screening af vilde levende fugle der blev gennemført i 2003 og 2004. På Møn og Nyord i det sydøstlige Danmark blev der indsamlet friske gødningsprøver fra vandfugle (primært gråand, krikand og pibeand).

Fjervildt fra de to vildthåndteringsvirksomheder i Fødevareregion Ringsted, der modtager nedlagt vildt fra en stor del af landet, "Bjarne Frost Vildt" samt "Fårdrup Vildt" indgik i overvågningen af nedlagt vildt. Fuglene blev undersøgt ved udtagelse af kloaksvabere i perioden 1. september til 15. december. Der blev udtaget prøver af alle indsendte hold af nedlagte svømmeænder, primært gråænder.

AI virus blev isoleret fra 16 prøver, heraf var 1 LPAI H5N3 og 2 LPAI H7, hhv. H7N5 og H7N7, alle fra gråænder. De øvrige subtyper var: 2xH1N1, H1N3, 4xH3N8, 3xH4N6, H9N1 og 2xH11N9.

**Tabel 3. Oversigt over prøver og resultater i 2005**

	Levende vilde fugle	Nedlagt fjervildt	% af prøver fra levende og nedlagte vilde fugle
Antal fugle	1340	1445	
Antal prøver (pools á 5 stk.)	268	289	
Influenza positive prøver ved PCR	37	144	32,5
H5 LPAI positive prøver	1	22	4,1
H7 LPAI positive prøver	1	1	0,4
Antal virus Isolater fra pools	9	7	8,8

## 2006

I slutningen af 2005 blev HPAI H5N1 konstateret for første gang i Europa, formodentligt introduceret fra Asien med vilde fugle (Chen et al. 2005). Udbruddene fortsatte ind i 2006, og en intensiveret overvågning af AI i forhold til de tidligere år blev iværksat i EU medlemsstaterne, da der var en helt akut trussel om spredning af HPAI fra nabostater. Overvågningen blev foranlediget af en EU kommissionsbeslutning primo

2006 om indsamling af prøver i vilde fugle frem til og med december 2006. Formålet var overvågning af og tidligst mulig påvisning af HPAI virus i vilde fugle i Danmark herudover overvågning af forekomst af LPAI virus i værtsarter med øget risiko samt bidrag til den internationale forståelse af udbredelse og spredning af AI.

FVST iværksatte en passiv overvågning af AI i hele landet, hvor ornitologer, jægere, fiskere og andre borgere som færdes i den danske natur, blev bedt om at indrapportere fund af unormalt mange døde og syge vilde fugle, navnlig vilde vandfugle. I alt blev 1190 døde vilde fugle testet enkeltvis for influenzavirus ved PCR. I bilag 5 findes detaljerede informationer om de undersøgte arter og de positive fund. I alt var 43 prøver positive for influenzavirus og alle blev fundet positive for HPAI H5 virus (Tabel 4). Fund af HPAI H5N1 er omtalt yderligere i afsnittet om udbrud.

Den aktive overvågning var fokuseret på vandfuglereservoiret. Med baggrund i Danmarks centrale placering på vandfuglenes trækruter blev en geografisk og tidsmæssig placering af overvågningen tilstræbt, således at hele landet var dækket ind. Der blev indsamlet gødningsprøver fra i alt 5512 fugle, heraf 1007 ekstraordinært som følge af udbrud med HP H5N1. Prøverne blev primært taget fra svømmeænder, måger og vadefugle på deres naturlige levesteder, men også stikprøver af relevante gåse- og svanebestande blev udtaget. Der blev desuden taget prøver fra den danske ynglebestand af skarv.

Fra ænder blev prøverne udtaget fra enkeltdyr, mens der fra andre fugle blev indsamlet pools á 5 fugle. Prøverne blev testet for influenzavirus samt H5 og H7 subtyperne ved PCR. Tabel 4 viser en oversigt over prøver og resultater. Flere detaljerede informationer om de positive fund, arter og geografisk lokalisering af de undersøgte levende fugle fremgår af bilag 4. Fra levende fugle blev følgende virus isoleret: 2xH2N3, H13N6 og H14N5 (fra måger). Der blev fundet ni prøver positive for LPAI H5 og én prøve fra en sølvmåge var positiv for HPAI H5. Der blev ikke fundet H7 positive prøver.

**Tabel 4. Oversigt over prøver og resultater i 2006**

	Levende vilde fugle	% af prøver fra levende vilde fugle	Døde vilde fugle	% af prøver fra døde vilde fugle
Antal fugle	5512		1190	
Antal prøver fra enkeltdyr	2307		1190	
Antal prøver m. pools á 5 stk.	641		0	
Influenza positive prøver ved PCR	57	1,9	43	3,6
H5 LPAI positive prøver	9	0,3	0	0
H7 LPAI positive prøver	0	0	0	0
H5 HPAI positive prøver	1	0,03	43	3,6
Antal LPAI virus Isolater	4	0,1	0	0

## 2007

Efter introduktion af HPAI H5N1 i vinteren 2006 i vilde fugle fremlagde EU kommissionen retningslinier for overvågning af fjerkræ og vilde fugle i medlemsstaterne i 2007. Den danske overvågning byggede derfor på disse retningslinier. Formålet var en passiv overvågning af HPAI H5N1 virus i vilde fugle i Danmark, og en aktiv overvågning for forekomst af LPAI og HPAI virus i værtsarter med høj risiko og værtsarter der lever i nærheden af tamfjerkræ, inkl. undersøgelse af nedlagt vildt (svømmeænder).



I den passive overvågning blev der undersøgt døde fugle fra populationer, hvor der opstod en ikke-forventet dødelighed med speciel fokus på vandrelaterede fugle og rovfugle i kystnære områder. Der blev etableret et samarbejde med Skov- og Naturstyrelsen, DMU, Jægerforbundet, Danmarks Sportsfiskerforbund, Dansk Ornitologisk Forening og Fødevareregionerne. I alt blev 196 døde vilde fugle testet på svælgsvaberprøver for influenzavirus ved PCR. PCR positive prøver blev undersøgt for H5 og H7 subtyper samt N1 ved specifikke PCR assays, for hurtigt at kunne identificere eventuelle HPAI H5N1. I bilag 7 findes en detaljeret beskrivelse af de undersøgte arter og deres geografiske lokalitet. Tabel 5 viser en oversigt over prøver og resultater. Der blev fundet én positiv prøve og denne var ikke af subtype H5/H7.

I den aktive overvågning af vandfuglereservoiret omfattede indsamlingen arter, der bl.a. yngler i Skandinavien, herunder Danmark, N-Rusland, Sibirien, Baltikum, og i en vis grad på Svalbard og Grønland. Prøveindsamlingen blev endvidere udbygget med fældefangst og prøvetagning af svømmeænder i forbindelse med efterårstrækket. Der blev indsamlet gødningsprøver eller kloak- og svælgsvabere fra enkeltfugle. Hvis der var udtaget både kloak- og svælgsvaber fra samme fugl, blev disse poolet til én prøve. DMU stod for prøveindsamlingen. For visse arter blev prøverne af praktiske årsager udtaget fra nyligt nedlagte fugle, f.eks. troldand og skeand, i samarbejde med Danmarks Jægerforbund. Prøver til overvågning af "værtssarter som forekommer i nærheden af fjerkræ", blev indsamlet i forbindelse med ringmærkningsaktiviteter af bl.a. trækkende fugle ved ringmærkningsstationerne. Denne del af prøveindsamlingen blev koordineret af ZM, og der blev fokuseret på småfugle, som har en høj sandsynlighed for kontakt med fjerkræ, f.eks. gråspurv, skovspurv, allike, husskade, stær, landsvale og duer. Der udsættes hvert år et stort antal opdrættede gråænder til jagt i Danmark. Med henblik på at belyse deres rolle for risikoen for forekomst og udbrud af AI indsamledes svælg- og kloaksvaberprøver fra gråænder i perioden september - oktober på vildthåndteringsvirksomheden "Bjarne Frost Vildt" i Næstved, under antagelse af at en betydelig del af det indleverede fjervildt stammede fra vildtopdræt.

I den aktive overvågning blev der undersøgt levende vilde fugle og nedlagt fjervildt, i alt 4748 fugle. Prøverne blev udtaget enten som gødningsprøver eller både en kloaksvaber og en svælgsvaber fra hver fugl. I laboratoriet blev prøverne poolet med 5 stk. i hver og testet for influenzavirus ved PCR. Herefter blev alle positive pools testet på de enkeltprøver som poolen udgjorde, hvorved den enkelte positive fugl blev identificeret. Positive prøver blev endvidere testet for H5 og H7 subtyperne ved PCR og sekventering. Tabel 5 viser en oversigt over prøver samt resultater. Informationer om fuglearter, deres geografiske lokalitet samt positive fund fremgår af bilag 6. Af de 22 prøver der var indsamlet fra sølvmåger i København var 14 positive på svælgsvabere og 4 hættemåger fra samme lokalitet var positive på svælgsvabere. De øvrige positive prøver var gødningsprøver eller kloaksvabere. Fra levende fugle blev 13 virusisolater isoleret: heraf 1 LPAI H7N1 fra en knopsvane, og de øvrige var H3N6, 2xH3N8, 2x H4N6, H6N1, H6N2, H10N3, 2xH11N2, H11N9 og H14N5.

**Tabel 5. Oversigt over prøver og resultater i 2007**

	Levende vilde fugle	Nedlagte vilde fugle	% af undersøgte levende og nedlagte vilde fugle	Døde vilde fugle	% af undersøgte døde vilde fugle
Antal fugle	3990	758		196	
Influenza positive prøver ved PCR	34	30	1,3	1	0,5
H5 LPAI positive prøver	0	4	0,08	0	0
H7 LPAI positive prøver	1	0	0,02	0	0
Antal LPAI virus Isolater	13	0	0,3	0	0



## 2008

I 2008 byggede overvågningen på retningslinjerne i EU Kommissionens beslutning 2007/268/EF af 13/IV/2007 for overvågning af fjerkræ og vilde fugle i medlemsstaterne. Overvågningsprogrammet for AI i vilde fugle i 2008 bestod således af en passiv overvågning af vilde dødfundne fugle fra hele landet og en aktiv overvågning af levende fugle efter samme princip som i 2007, men med øget fokusering på AI højrisiko fugle (Liste D og E, 2007/268/EF), som i forhold til 2007 betød at der ikke blev fokuseret på småfuglearterne. Af vandfugle blev der fokuseret på gråand, krikand og pibeand, som er de vandfugle i Danmark, der er mest talrige af dem på listen. Der blev fokuseret på arter af større fugle med risiko for at komme i tæt kontakt med tamfjerkræ, primært svaner (knopsvane), vandfugle (ænder, vibe og hjejle), måger (hætte-, sølv- og stormmåge). Prøver fra levende vilde fugle blev indsamlet af DMU og ZM. Endvidere blev der testet nedlagt fjervildt der blev indsamlet fra "Bjarne Frost Vildt" i Næstved. Påvisning af influenzavirus og subtyperne H5/H7 var baseret på PCR og efterfølgende sekventering. Isolerede virus blev efterfølgende subtyperet.

I den passive overvågning blev 73 fugle undersøgt på svælgsvabere. De var alle negative for AI virus ved PCR. I bilag 9 findes informationer om de undersøgte arter samt deres geografiske lokalisering.

I den aktive overvågning blev der i alt undersøgt 1173 fugle. Prøverne blev udtaget som én kloak- og én svælgsvaberprøve fra hver fugl. Tabel 6 viser en oversigt over prøver og resultater. I bilag 8 findes informationer om undersøgte arter, geografisk lokalitet samt de positive fund. Ud af de 66 positive fugle, var 60 positive på kloaksvabere og 10 på svælgsvabere. Der var således fire fugle (krikand, grønbenet rørhøne og to gråænder) hvorfra begge svabertyper var positive for influenza ved PCR, men ikke var H5/H7 subtype. Der kunne ikke isoleres virus fra de PCR positive svælgsvabere, men subtypning ved PCR og sekventering viste at to var LPAI H5 og én var LPAI H7. I kloaksvaberprøverne blev der ved PCR fundet fire LPAI H5 og én LPAI H7, hvoraf LPAI H7 virus kunne isoleres og subtypes til H7N1. De øvrige AI virus der alle blev isoleret fra kloaksvaberprøver var: H12N5 (krikand fra Tønder), H11N9 (gråand fra Tønder), og H1N2 (nedlagt gråand fra Guldborgsund).

I forbindelse med et udbrud af H7N1 i en andebesætning påvist efter serologisk reaktion overfor H5 antigen, blev vilde ænder fra en nærtliggende sø testet og fundet positive for H7. Gravænder og vilde gråænder fra 33 lokaliteter i området blev også undersøgt og fundet negative for AI virus. Resultaterne af disse undersøgelser indgår ikke i oversigten for 2008, men er omtalt separat under afsnittet om besætningsudbrud.

**Tabel 6. Oversigt over prøver og resultater i 2008**

	Levende vilde fugle	Nedlagte vilde fugle	% af undersøgte levende og nedlagte vilde fugle	Døde vilde fugle	% af undersøgte døde vilde fugle
Antal fugle	638	535		73	
Influenza positive prøver ved PCR	17	49	5,6	0	0
H5 LPAI positive prøver	4	2	0,5	0	0
H7 LPAI positive prøver	0	3	0,3	0	0
Antal LPAI virus Isolater	2	2	0,3	0	0

## 2009

Overvågningsprogrammet for AI i vilde fugle var i 2009 en direkte fortsættelse af programmet fra 2008. Det bestod i en passiv overvågning af vilde dødfundne fugle fra hele landet og en aktiv overvågning af levende fugle i hhv. reservoirer af vandfugle, langs fugletrækruter, nær tamfjerkræ og af nedlagt fjervildt.

I den passive overvågning blev 83 fugle undersøgt enkeltvist ved PCR på svælgsvabere. I bilag 11 findes informationer om de undersøgte arter og deres geografiske lokalitet og i tabel 7 en oversigt over prøver og resultater. Der blev fundet én positiv prøve der ikke var af subtype H5/H7.

I den aktive overvågning blev der i alt undersøgt 2277 fugle. I bilag 10 findes informationer om de undersøgte arter, deres geografiske lokalitet, positive prøver samt om prøven er fra levende eller nedlagte vilde fugle. Prøver af levende vilde fugle blev indsamlet af DMU og ZM, mens prøver fra nedlagt fjervildt blev taget på vildthåndteringsvirksomheder. Der blev udtaget én kloak- og én svælgsvaberprøve fra hver fugl, der blev testet separat for influenzavirus ved PCR. Tabel 7 viser en oversigt over prøver og resultater. I 15 fugle blev LPAI H5 fundet og i 3 fugle LPAI H7 ved PCR og sekventering.

AI virus kunne isoleres med VI fra 8 levende fugle: H3N8 og 3xH6N2 (krikænder) samt 2xH6N2, H7N1 og H7N2 (gråænder), heraf var 7 indsamlet ved Tønder (Margrethe Kog). Indsamlingsstedet for H3N8 viruset var ikke registreret i prøvefortegnelserne. Virus blev isoleret fra 6 nedlagte fugle: H1N1, H3N2, H3N8 (krikænder, ukendt lokalitet), H3N8 og H7N2 (gråænder hhv. Guldborgsund og Ringkøbing-Skjern) og H6N1 (fasan, Lejre). H1N1 og H6N1 blev begge isoleret fra svælgsvaberprøver fra nedlagte fugle. De øvrige virusisolater var fra kloaksvaberprøver.

Ud af de 151 AI PCR-positive fugle var 126 kun positive på kloaksvabere, 22 kun på svælgsvabere og 3 på begge svabertyper: en gråand var AI PCR ikke-H5/H7 positiv på svælgsvaber mens der kunne isoleres H3N8 virusisolat fra kloaksvaberen, en krikand var PCR positiv for LPAI H5 i kloaksvaberen og PCR positiv for ikke-H5/H7 virus i svælgsvaberen, og en krikand var AI PCR positiv for ikke-H5/H7 virus i kloaksvaberen mens der kunne isoleres H1N1 virus fra svælgsvaberen. De resterende H5 og H7 virus blev fundet i kloaksvaberprøver.

**Tabel 7. Oversigt over prøver og resultater i 2009**

	Levende vilde fugle	Nedlagte vilde fugle	% af undersøgte levende og nedlagte vilde fugle	Døde vilde fugle	% af undersøgte døde vilde fugle
Antal fugle	1207	1070		83	
Influenza positive prøver ved PCR	55	96	6,6	1	1,2
H5 LPAI positive prøver	5	10	0,7	0	0
H7 LPAI positive prøver	2	1	0,1	1	1,2
Antal LPAI virus Isolater	8	6	0,6	0	0

## 2010

Overvågningsprogrammet for AI i vilde fugle var i 2010 en fortsættelse af overvågningsprogrammerne i 2008 og 2009. Formålet var overvågning af HPAI H5N1 og andre AI virus i vilde fugle der udgør en forhøjet risiko med hensyn til aviær influenza, herunder fugle der lever tæt på tamfjerkræ, samt at undersøge nedlagt fjervildt (fortrinsvis svømmeænder).

Overvågningen bestod af en passiv overvågning af dødfundne vilde fugle fra hele landet, hvis der i en population opstod en ikke-forventet dødelighed. I alt blev 56 døde vilde fugle testet. Informationer vedrørende art, geografisk lokalitet og positive prøver kan findes i bilag 13 samt i tabel 8.

Den aktive overvågning bestod af prøver primært indsamlet fra vandfugle i perioden fra september-december. Desuden blev et mindre antal prøver fra rovfugle, slørugle, duer og spurvefugle testet. Prøverne blev indsamlet af DMU og ZM. Endvidere blev der i samarbejde med Danmarks Jægerforbund og DMU indsamlet prøver fra nedlagte svømmeænder på en række lokaliteter i hele landet.

Der blev udtaget en svælg- og kloakprøve fra hver fugl, der blev undersøgt enkeltvist for AI virus ved PCR. Positive prøver blev testet for H5 og H7 subtype med specifik PCR, og de positive blev patogenicitetbestemt ved sekventering. Virusisolation blev udført på influenzapositive prøver og virusisolater subtypet.

I den aktive overvågning blev 2136 fugle testet i alt. Tabel 8 viser en oversigt over prøver og resultater. Prøver fra 226 fugle var positive med pan-influenzavirus PCR i enten kloak- og/eller svælgsvaberprøven, heraf var 11 positive i både kloak- og svælgsvaberprøven og 17 fugle var kun positive på svælgsvaberprøverne. For de fugle der var H5/H7 PCR-positive, var der overensstemmelse mellem K og S hvis de begge var influenza PCR-positive, bortset fra 2 fugle der kun var H5 i kloaksvaberprøven. Alle H5 PCR positive var LPAI med aminosyresekvensen PQRETRGLF i kløvningssitet. Den ene H7 var LPAI med aminosyresekvensen PEPPKGKRGFLF i kløvningssitet.

**Tabel 8. Oversigt over prøver og resultater i 2010**

	Levende vilde fugle	Nedlagte vilde fugle	% af undersøgte levende og nedlagte vilde fugle	Døde vilde fugle	% af undersøgte døde vilde fugle
Antal fugle	1167	969		56	
Influenza positive prøver ved PCR	110	116	10,6	3	5,4
H5 LPAI positive prøver	22	25	2,2	0	0
H7 LPAI positive prøver	1	0	0,05	0	0
Antal LPAI virus Isolater	1	3	0,2	1	1,8

## 2011

Overvågningen i 2011 blev i lighed med 2010 udført som en passiv overvågning af døde vilde fugle og en aktiv overvågning af levende vilde fugle og nedlagt fjervildt. I 2011 besluttede Fødevarestyrelsen at tilstræbe en forøget passiv overvågning af HPAI i døde vilde fugle, og endvidere at fortsætte den nationale aktive overvågning af LPAI i levende vilde fugle, omend i reduceret omfang i forhold til de foregående år. Sidstnævnte var muligt fordi det ikke længere var et krav fra EU at udføre en aktiv overvågning i levende vilde fugle. For at øge antallet af indsamlinger af døde og syge vilde fugle til overvågning for HPAI, udover den indsamling der sker på baggrund af borgernes indsendelser, etableredes en målrettet indsamling i form af en samarbejdsaftale med Fødevarestyrelsen og Naturstyrelsen, hvor der fra vildtreservater i fem udvalgte enheder (Storstrøm, Fyn, Vadehavet, Blåvandshuk og Thy) skulle indsamles døde vilde fugle til undersøgelse for HPAI. En anden ændring i forhold til de tidligere år var at Fødevareregionerne overtog opgaven med forsendelse af døde vilde fugle til Veterinærinstituttet fra Beredskabsstyrelsen. Egnede undersøgte fugle (faldvildt) indsendt til Veterinærinstituttet i anden anledning indgik også i overvågningen.

I den passive overvågning blev der i alt undersøgt 33 fugle, der er beskrevet i detaljer for art, lokalitet og indsamler i bilag 15. Der blev udtaget en svælgsvaber fra hver fugl, der blev testet for influenzavirus ved PCR. Virus isolation blev foretaget for influenza positive prøver. Da der er i 2011 blev undersøgt færre døde fugle i den passive overvågning end i 2010, hvor 56 blev undersøgt, blev der som compensation udtaget ca. 100 ekstra prøver i den aktive overvågning under kategorien nedlagt fjervildt. I tabel 9 er der vist en oversigt over resultatet. Der blev fundet en prøve positiv for influenzavirus som var udtaget fra en død sølvmåge fundet i Varde kommune. Fra prøven kunne virus med subtypen H16N3 isoleres. Måger er den primære vært for H16N3 virus, og det er derfor et realistisk fund, selvom der kun er publiceret få fund af H16 virus i Europa. I Danmark er der tidligere fundet H16N3 i 2002 i prøver fra hhv. skarv og måge.

I den aktive overvågning af LPAI virus i vilde fugle, blev prøverne indsamlet af SNM i perioden august-december. Prøverne blev indsamlet fra arter der udgør en forhøjet risiko med hensyn til AI (jf. bilag II, del 2 i kommissionsafgørelsen 2010/347/EC) (Anonymous 2010). Endvidere udtog FVST prøver fra nedlagte svømmeænder, primært gråænder, i perioden september-november, der var indleveret på vildthåndteringsvirksomheder. Da der fra 2011 var tale om en national overvågning, var der ikke længere EU-krav om, at der både blev undersøgt både kloak- og svælgsvabre fra hver fugl enkeltvist. Prøverne blev derfor indsamlet i pools á op til fem kloaksvabere. En pool indeholdt kun svabere indsamlet på samme dag og sted fra én fugleart. Alle prøver blev undersøgt for influenzavirus ved PCR. Positive prøver blev testet for H5 og H7 ved specifik PCR og positive prøver blev sekventeret for patogenicitetsbestemmelse. Virusisolation blev iværksat på alle influenzapositive prøver, og isolerede virus blev subtypet.

Resultaterne af den aktive overvågning blev, i modsætning til tidligere år, ikke registreret i FVST's database for "Prøveresultater for fugleinfluenza" ([http://webgis-a.le34.dk/fi/oversigt\\_offentlig.php](http://webgis-a.le34.dk/fi/oversigt_offentlig.php)), da denne ikke var egnet til registrering af data fra pools. Resultaterne af den passive overvågning blev fortsat registreret i databasen i 2011.

I alt blev 1260 fugle undersøgt som udspecificeret i bilag 14 omkring art, geografiske lokalitet, positive prøver samt kategori levende eller nedlagte vilde fugle. Tabel 9 viser en oversigt over prøver samt resultater. Af de positive prøver var 80 % udtaget fra gråænder, 13 % fra andre ænder, 1 % fra knopsvane og 6 % fra mågearter. Alle 28 prøver positiv for H5 virus var LPAI med aminosyresekvensen PQRETRGLF i kløvningssitet. AI virus blev isoleret fra 11 prøver, heraf var 1 LPAI H5N2 og de øvrige 4xH4N6, H6N2, H10N1, H10N6 og H13N6. De fleste virusisolater var fra gråænder (9 ud af 11) på nær H6N2 fra en krikand og H13N6 fra en hættemåge.

**Tabel 9. Oversigt over prøver og resultater i 2011**

	Levende vilde fugle	Nedlagte vilde fugle	% af prøver fra levende og nedlagte vilde fugle	Døde vilde fugle	% af undersøgte døde vilde fugle
Antal fugle	553	707		33	
Antal prøver fra enkeltdyr	0	0		33	
Antal prøver m. pools à 5 stk.	191	142		0	
Influenza positive prøver ved PCR	25	74	29,7	1	3,0
H5 LPAI positive prøver	2	26	8,4	0	0
H7 LPAI positive prøver	0	0	0	0	0
Antal LPAI virus Isolater	2	9	3,3	1	3,3

## Sammenfatning 2003-2011

Detaljer vedr. prøveudtagningen i den aktive og passive overvågning af AI virus i perioden 2003-2011 er beskrevet år for år i de foregående afsnit. De detaljerede oplysningerne vedr. prøvemateriale, virus isolater mm. er endvidere samlet i skematisk form i bilag 16 og en kort opsummering af disse resultaterne fremgår af tabel 10. Bilag 17 indeholder en oversigt over alle virus isolater fundet i forbindelse med overvågningen fordelt på år, subtyper og fugleart.

**Tabel 10. Opsummering af resultater fra den aktive og passive overvågning 2003-11**

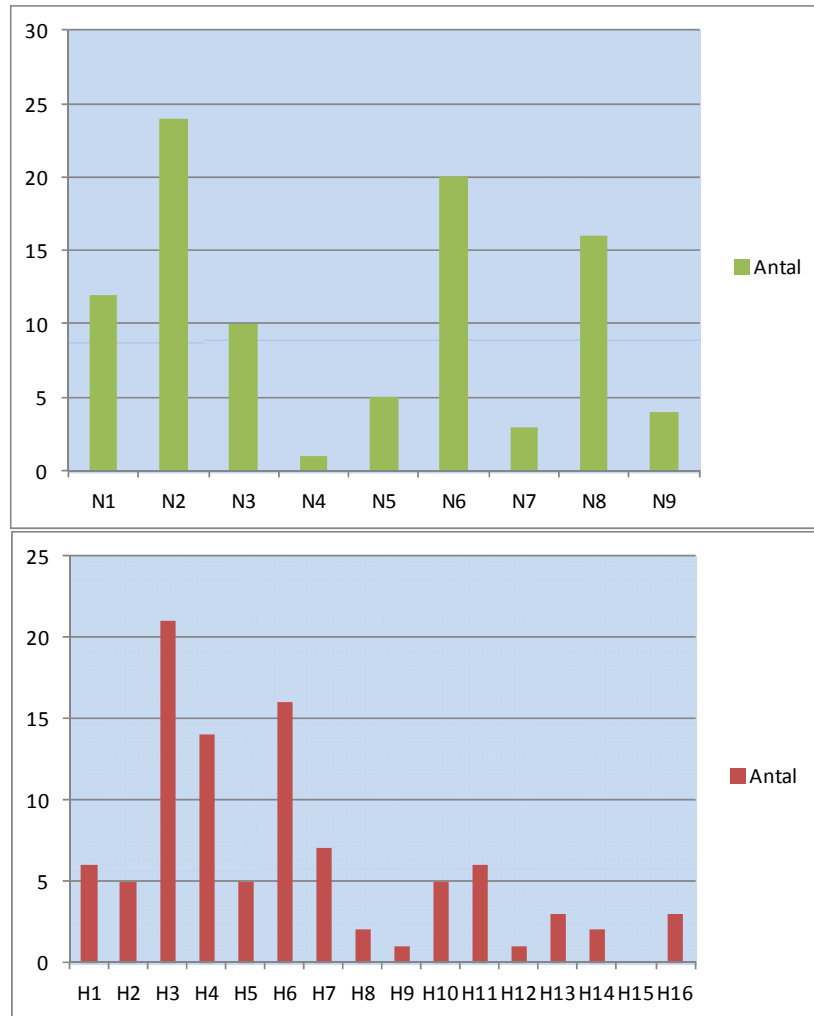
År	Aktiv overvågning				Passiv overvågning	
	Levende vilde fugle*		Nedlagt fjervildt*		Døde vilde fugle*	
	Antal	% Pos**	Antal	% Pos**	Antal	% Pos**
2003	579	5,9	-	-	-	-
2004	618	20,2	143	18,2	-	-
2005	268	13,8	289	49,8	-	-
2006	2948	1,0	-	-	1190	3,6
2007	3990	0,9	758	4,0	196	0,5
2008	638	2,7	535	9,2	73	0
2009	1207	4,6	1070	9,0	83	1,2
2010	1167	9,5	969	12,0	56	5,4
2011	191	13,0	142	52,1	33	3,0

\*Antal individer, testet enkeltvis eller i pools; \*\*% positive ved PCR; (-) Ingen prøver.

I alt 21.098 prøver repræsenterende ca. 26.403 vilde fugle er undersøgt i den aktive overvågning i perioden 2003-2011 og heraf udgjorde nedlagt fjervildt ca. 25 %. I den passive overvågning er der i alt undersøgt 1.631 fugle i perioden 2006-2011. Der er relativt store forskelle på antallet af undersøgte fugle/prøver fra år til år.

I gennemsnit blev 9 % af prøverne fra levende fugle og 32 % af prøverne fra nedlagt vildt testet positive for AI virus, og heraf var 0-9 % positive for H5 eller H7. Disse gennemsnitstal dækker over store forskelle fra år til år, og ikke alle kategorier af prøver (hhv. levende vilde fugle, nedlagt fjervildt og døde vilde fugle) har været inkluderet i overvågningsprogrammet hvert år. Den passive overvågning udført efter 2006 har typisk inkluderet under 100 prøver, hvoraf 1-6 % er fundet positive for AI virus, og enkelte af disse har tilhørt typen LPAI H5 eller H7 virus. Siden 2006 er der ikke påvist HPAI virus i Danmark.

Fordelingen af de isolerede virus H og N subtyper er præsenteret i figur 2. Alle N subtyper og alle H subtyper med undtagelse af H15 blev fundet minimum i en prøve i perioden. De hyppigst påviste gener var H3, H4, H6 og N2, N4, N8. Der er fundet 33 kombinationer af H og N i perioden (bilag 17). H13 og H16 subtyperne er kun fundet i mågefugle, mens de fleste af de øvrige subtyper er fundet både i mågefugle og andefugle. De hyppigst fundne subtype kombinationer var H3N8 (14 stk), H4N6 (14 stk) og H6N2 (12 stk). De resterende subtypekombinationer blev hver fundet 1-5 gange.



Figur 2. Antal virus indeholdende de 9 forskellige N (øverst) og 16 forskellige H (nederst) subtyper.

## Overvågning af AI i fjerkræ og opdrættet fjervildt

Overvågningen af AI i fjerkræ og opdrættet fjervildt omfatter besætninger med mere end 100 fugle, og er rettet mod fjerkræpopulationer med særlig risiko for infektion på grund af driftsformer eller bestemte arters modtagelighed. Overvågningen sker ved hhv. serologisk undersøgelse for antistoffer mod H5 og H7 i høns, kalkuner, ænder og gæs og en virologisk screening af afkom af opdrættet fjervildt inden udsættelse i naturen til fx jagt formål. Overvågningen er justeret løbende, men har hvert år levet op til gældende krav fra EU. Formålet med overvågningen er at finde og inddæmme cirkulerende LPAI H5 og H7 virus ved at aflive alle fugle i besætninger inficeret med disse virus.

### Serologiske undersøgelser

Den serologiske overvågning består i undersøgelse af blodprøver fra udvalgte kategorier af fjerkræ for antistoffer mod H5 eller H7 AI virus, med hovedvægt på fjerkræ med kontakt til udeområder. Undersøgelsen foregår med hæmagglutinationinhibitionstest (HI-test) overfor H5 og H7 antigener udvalgt af EU referencelaboratoriet. Overvågningsprogrammet har siden 2007 omfattet blodprøver i kategorierne: Høns, kalkuner, ænder og gæs fra avls-, centralopdrætnings- og formeringsvirksomheder, høns fra konsumægsvirksomheder; udegående slagtekyllinger, slagteænder (også gråænder) og slagtegæs; Slagtekalkuner (uanset om de er holdt indendørs eller udendørs), opdrættede (forældredyr) gråænder, fasaner og agerhøns (herunder rødhøns og stenhøns). Besætninger, hvorfra der omsættes fjerkræ eller opdrættet fjervildt, blev også testet. Antal prøver pr. indsendelse blev reduceret i 2011 fra 45 til 20 for kategorien ænder og gæs samt gråænder til udsætning. For de øvrige kategorier blev prøvetallet bibeholdt på 10 prøver pr. indsendelse. Fra samtlige flokke med fjerkræ, der fik påvist antistoffer imod H5 eller H7 virus, blev der udført en virologisk udredning ved test af svabere for tilstedeværelsen af AI virus. I de tilfælde hvor der blev påvist AI virus med PCR eller VI, blev der udført specifik undersøgelse for om virus var H5 eller H7 subtype. Se endvidere afsnit om udbrud af AI.

**Tabel 11. Oversigt over den serologiske overvågning af fjerkræ i perioden 2003-2007**

Art	2003 Antal prøver	2004 Antal prøver	2005 Antal prøver	2006 Antal prøver	2007 Antal prøver
Ænder og gæs	196	510	852	1.073	1.127
Høns	2.891	2.878	2.531	6.858	7.998
Kalkuner	180	230	290	269	854
Fjervildt	60	9	24	1.937	*489
Total	3.327	3.627	3.697	10.137	**1.211
					11.679

\*Antal prøver fra gråænder, \*\*Antal prøver fra fasaner og agerhøns

I tabel 11 er angivet antallet af blodprøver, der er undersøgt som en del af overvågningsprogrammet for AI i perioden 2003-2007. Der blev kun fundet positive prøver i enkelte tilfælde, og i ingen af disse tilfælde blev der påvist AI H5 eller H7 virus ved efterfølgende virologisk udredning. I 2003 blev der fundet en positiv prøve fra en gråand i forbindelse med udredning af et udbrud af LP H5N7. I 2005 blev der fundet antistoffer mod H7 hos en canadagås. I 2006 blev der fundet antistoffer mod H5 i 26 prøver fra fire besætninger med ænder og gæs, i en prøve fra en gråandebesætning og i en prøve fra en hønsebesætning. I 2006 blev der tillige fundet antistoffer mod H7 i fire prøver fra to besætninger med ænder og gæs, derudover i en prøve fra en gråandebesætning samt i to prøver fra to hønsebesætninger. I 2007 blev der fundet antistoffer mod

H5 i 54 prøver fra fem besætninger med ænder og gæs og i to prøver fra to gråandebesætninger. Der blev endvidere fundet antistoffer imod H7 i en prøve fra en høne.

Antallet af blodprøver undersøgt i perioden 2008-2011 er angivet i tabel 12 sammen med antallet af H5/H7 positive prøver. I 2008, 2009, 2010 og 2011 var der hhv. 7, 3, 5 og 1 seropositive flokke. Der blev fundet AI H5 eller H7 virus i hhv. 1, 0, 2 og 0 tilfælde. Disse er omtalt i afsnittet om udbrud af AI i fjerkræ.

**Tabel 12. Oversigt over antal prøver i den serologiske overvågning af fjerkræ i perioden 2007-2011**

Art	2008	2009	2010	2011
	Antal prøver/H5 positive/H7 positive	Antal prøver/H5 positive/H7 positive	Antal prøver/H5 positive/H7 positive	Antal prøver/H5 positive/H7 positive
Ænder og gæs	1.232 / 25 / 0	700 / 8 / 0	1.080 / 0 / 0	440/6/0
Høns	7.871 / 1 / 5	7.699 / 0 / 0	6.977 / 0 / 0	6341/0/0
Kalkuner	842 / 0 / 0	580 / 0 / 0	330 / 0 / 0	280/0/0
Gråænder	585 / 8 / 1	639 / 4 / 2	540 / 6 / 13	200/0/0
Fasaner og agerhøns	1.073 / 0 / 0	1.145 / 5 / 0	1.055 / 0 / 1	890/0/0
Slagtekyllinger	-	10 / 0 / 0	30 / 0 / 0	130/0/0
Total	11.603 / 34 / 6	10.773 / 17 / 2	10.012 / 6 / 14	8281 / 6 / 0

### Virologisk overvågning af opdrættet fjervildt.

Afkom af opdrættet fjervildt overvåges inden omsætning ved virologisk undersøgelse med PCR for forekomst af AI virus. Fra hver flok indsendes kadavere af 10 aflivede dyr til VET. På laboratoriet udtages en tracheal- og en kloaksvaberprøve af hvert dyr og de pooles i hhv. én tracheal- og én kloaksvaberpool pr. indsendelse. Disse to pools undersøges med PCR for tilstedeværelsen af AI virus med pan-influenza PCR, og positive prøver undersøges specifikt for H5/H7 subtyperne.

Antallet af indsendelser og antal positive indsendelser fremgår af tabel 13. Der er fundet influenzavirus i 24 indsendelser, heraf var tre indsendelser positive for H5 med specifik PCR og patogenicitetsbestemt ved sekventering af kløvningssitet som LPAI. Disse indsendelser var alle fra 2006 og er omtalt i detaljer i afsnittet om udbrud af AI i Danmark. Fund af AI virus der ikke var H5 eller H7 subtype, medførte ikke restriktioner for besætningerne.

**Tabel 13. Oversigt over antal indsendelser i den virologiske overvågning af opdrættet fjervildt i perioden 2006-2011**

	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Antal indsendelser	ca. 250	395	362	333	307	258
AI virus positive indsendelser	7	2	4	7	0	4
AI H5/H7 positive indsendelser	3	0	0	0	0	0



## Molekylærbiologisk karakterisering

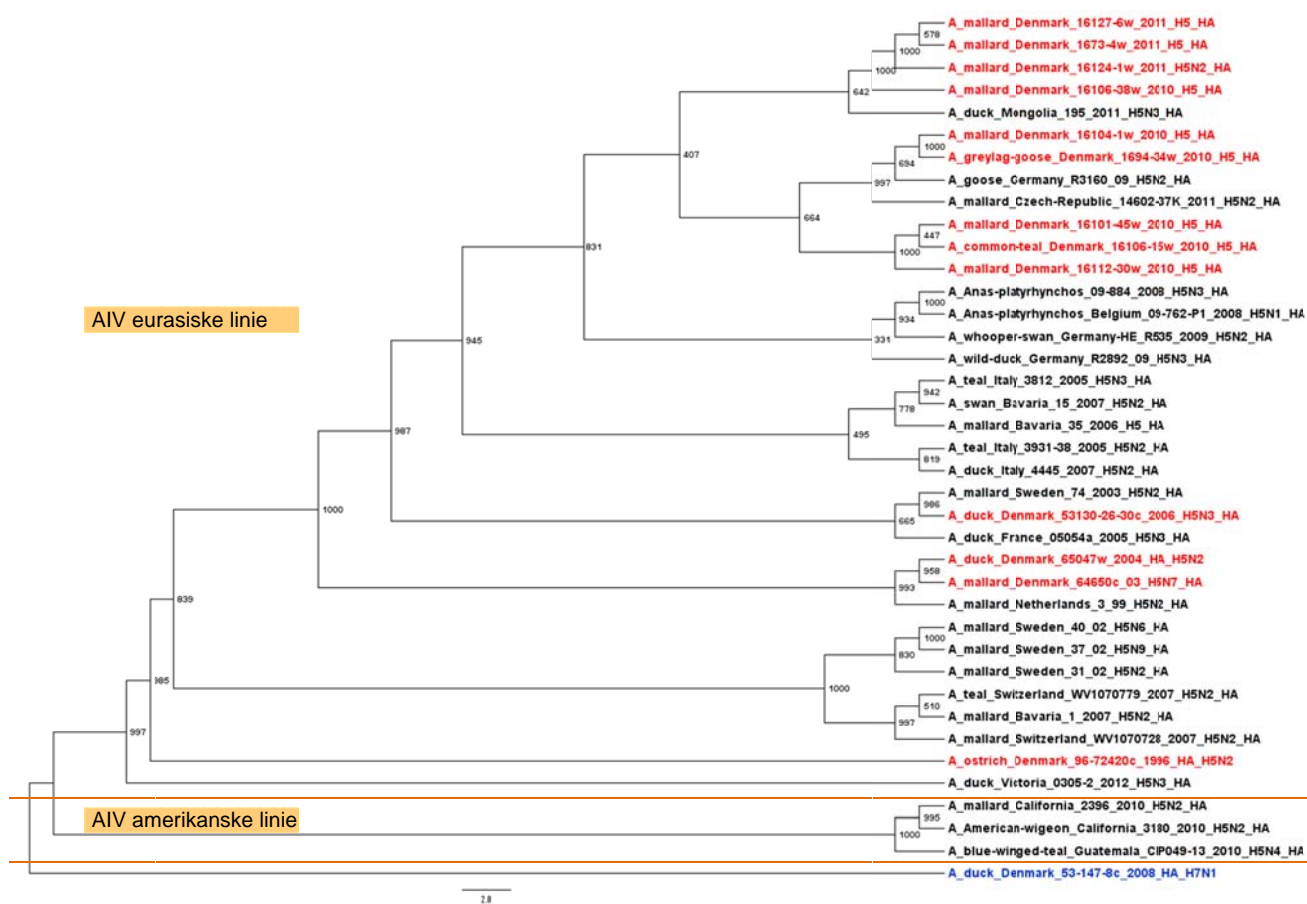
Influenza A virus indeholder otte gensegmenter, der tilsammen koder for 11 virale proteiner. Influenzavirus er kendetegnet ved en høj mutationsrate dvs. ændringer i deres gener, hvilket betegnes genetisk drift. I tilfælde af, at der er mere end et virus tilstede i en celle, kan der ske udveksling af gensegmenter, hvilket betegnes genetisk skift (reassortment). Begge former kan medføre ændringer i virussets fænotype. Generne HA og NA koder for vigtige overflade proteiner og danner basis for subtype nomenklaturen (kombinationen af H1-H16 og N1-N9). De to gener har en høj grad af variabilitet, og den specifikke gensekvens har stor indflydelse på patogeniteten af virus i både tam- og vildfugle. Matrix (M) proteinet er vigtigt for influenzaviruspartiklens levedygtighed, og derfor ses en højere grad af bevarelse/konservering, dvs. færre mutationer, i M genet sammenlignet med f.eks. HA genet, der har en meget høj mutationsrate.

### HA sekventering af LPAI H5 og H7 AI virus

H5 genet blev sekventeret fra tre virus fra 2011, seks virus fra 2010 samt fra et enkelt virus isoleret i 2006. Disse virus blev isoleret fra prøver indsamlet i forbindelse med overvågningen af aviær influenza i vilde fugle i Danmark. Disse ti nye H5 sekvenser, samt tre andre danske H5 sekvenser fra tidligere studier af udbrud i tamfjerkæ, blev ved fylogenetisk analyse sammenlignet med H5 sekvenser fundet i europæiske og amerikanske fugle (figur 3). Alle de analyserede danske H5 sekvenser grupperede sig indenfor linjen af eurasiske aviær H5 influenzavirus. De nyere danske H5 sekvenser fra 2010 og 2011 grupperede sig tæt sammen, ligesom de øvrige danske H5 sekvenser fra 2003 til 2006. De danske H5 sekvenser fra 2011 og 2010 havde således en indbyrdes homologi på 96,4 til 99,9 %, mens homologien til de øvrige danske H5 sekvenser fra 2003-2006 var 95,5-96,4 % (tabel 14). Forskellen skyldes, at der hele tiden foregår en betydelig drift i generne. Analyserne viste endvidere, at den danske H5 sekvens fra 1996 grupperede sig længere væk fra de øvrige danske sekvenser med en homologi på 91 til 93 %. Den primære årsag til dette er formodentlig at virusisolatet fra 1996 stammede fra en struds i importkarantæne i Danmark (Jørgensen et al. 1998).

Ved overvågningen af aviær influenza i vilde fugle er der kun i få tilfælde blevet identificeret LPAI H7 virus. En del af H7 genet fra to virus isoleret i hhv. 2005 og 2010 er blevet sekventeret. Disse 2 danske H7 sekvenser, samt en sekvens fra et tidligere dansk H7 virus fra 2008 (Therkildsen et al. 2011), er på samme måde som med H5 isolaterne blevet sammenholdt med H7 sekvenser fundet i europæiske og amerikanske fugle ved fylogenetisk analyse (figur 4). Analysen viste, at de 3 danske H7 sekvenser tilhører linjen af eurasiske aviær H7 influenzavirus, samt at de danske H7 sekvenser grupperer sig sammen med europæiske H7 sekvenser fra de samme år.

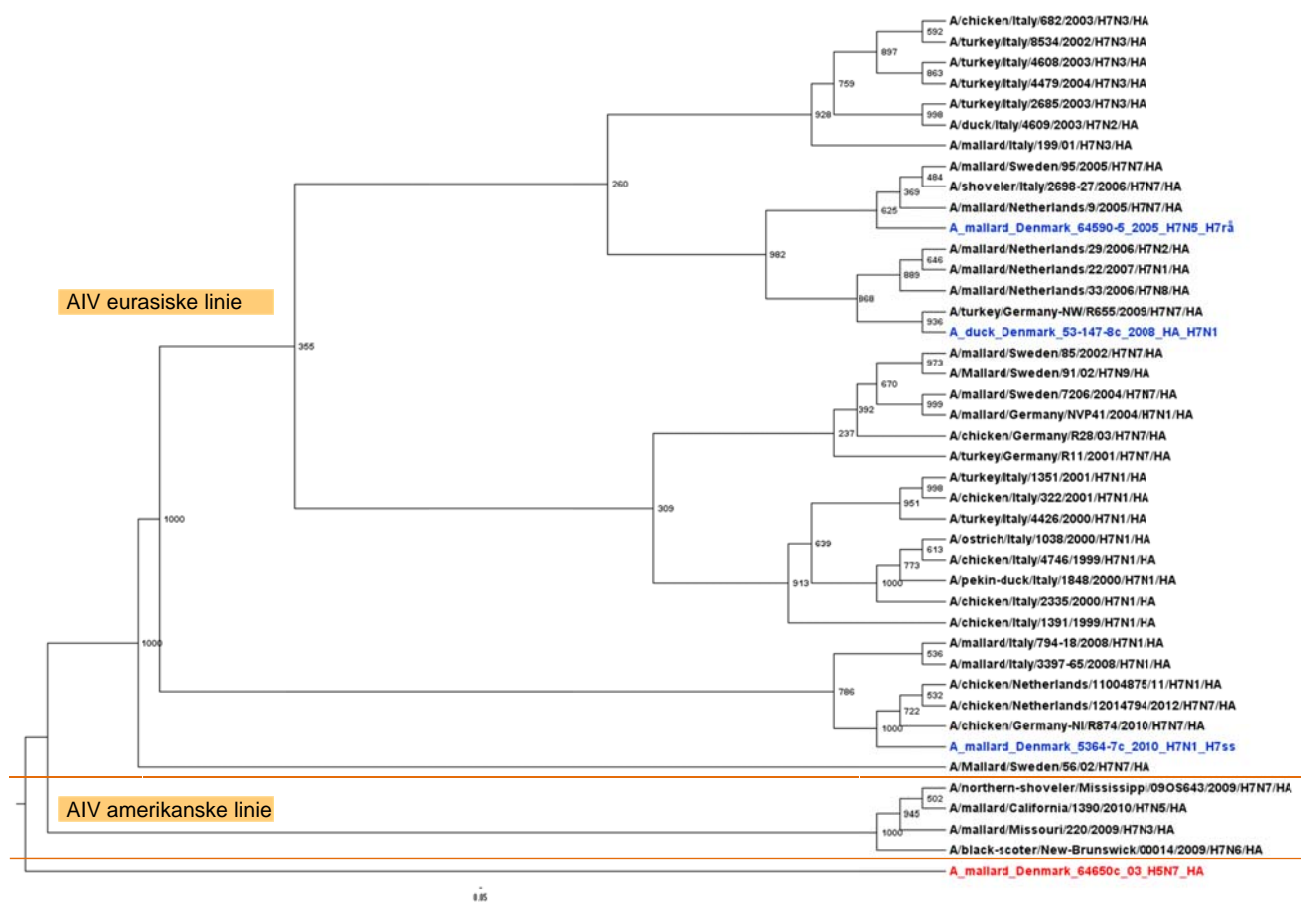
Ingen af de identificerede H5 eller H7 virus indeholdt basiske aminosyrer på kløvningsstedet, hvilket er typisk for LPAI.



**Figur 3. Fylogenetisk træ af fuldlængde H5 sekvenser.** De danske H5 sekvenser (markeret med rødt) grupperede sig sammen med de øvrige eurasiske AIV sekvenser.

**Tabel 14. Tabellen viser den procentvise identitet imellem fuldlængde H5 sekvenser fra danske aviær influenzavirus.**

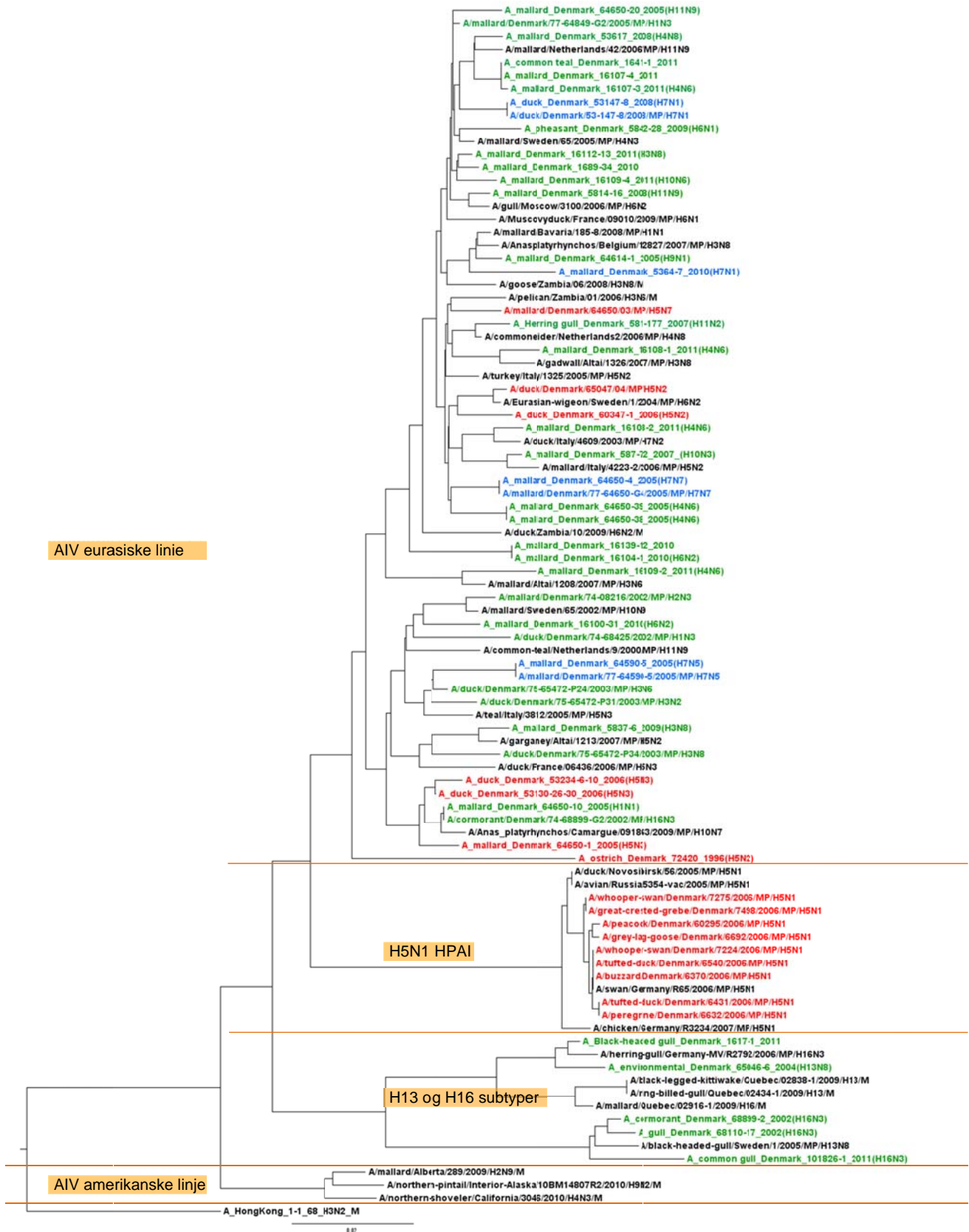
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
A_mallard_Denmark_16127-6w_2011_H5_HA	1		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A_mallard_Denmark_1673-4w_2011_H5_HA	2	99,59		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A_mallard_Denmark_16124-1w_2011_H5N2_HA	3	99,47	99,41		0	0	0	0	0	0	0	0	0
A_mallard_Denmark_16106-38w_2010_H5_HA	4	99,23	99,17	99,06		0	0	0	0	0	0	0	0
A_mallard_Denmark_16101-45w_2010_H5_HA	5	96,46	96,52	96,40	96,99		0	0	0	0	0	0	0
A_common-teal_Denmark_16106-15w_2010_H5_HA	6	96,46	96,52	96,40	96,99	99,88		0	0	0	0	0	0
A_mallard_Denmark_16112-30w_2010_H5_HA	7	96,40	96,46	96,34	96,93	99,82	99,82		0	0	0	0	0
A_greylag-goose_Denmark_1694-34w_2010_H5_HA	8	96,76	96,70	96,58	97,29	97,35	97,35	97,29		0	0	0	0
A_mallard_Denmark_16104-1w_2010_H5_HA	9	96,81	96,76	96,64	97,35	97,40	97,40	97,35	99,94		0	0	0
A_duck_Denmark_53130-26-30c_2006_H5N3_HA	10	95,69	95,63	95,58	96,22	96,28	96,28	96,22	96,34	96,40		0	0
A_duck_Denmark_65047w_2004_HA_H5N2	11	95,58	95,52	95,46	96,11	95,75	95,75	95,81	95,99	96,05	96,81		0
A_mallard_Denmark_64650c_2003_H5N7_HA	12	95,93	95,87	95,81	96,34	96,11	96,11	96,05	96,34	96,40	97,29	98,94	
A_ostrich_Denmark_96-72420c_1996_HA_H5N2	13	90,86	90,91	90,86	91,45	91,80	91,80	91,74	91,56	91,62	91,74	92,57	92,68



**Figur 4. Fylogenetisk træ lavet på baggrund af af partielle H7 sekvenser.** De danske H7 sekvenser (markeret med blå) ligger sammen med de eurasiske AIV sekvenser.

## Genom analyse

Genetisk shift (reassortment) af andre gener end HA og NA kan resultere i nye virus med ændrede egenskaber, så for at få et dækkende billede af AI virus epidemiologien er det vigtigt også at undersøge andre gener end HA og NA. Matrix (M) genet er et af de mere konserverede AI virusgener, og M generne fra Eurasien og Nordamerika grupperer sig i to tydeligt adskilte grupper i fylogenetiske analyser. Derfor anvendes dette gen ofte som en indikator for, om der sker udveksling mellem eurasiske og nordamerikanske linjer (Manzoor et al. 2008). På baggrund af sekventering af fuldlængde M gener fra 58 danske AI virus blev der lavet fylogenetisk analyse. Analysen blev udført på virus, der blev isoleret fra 2002 og frem til 2011 og repræsenterer en række forskellige influenzavirus subtyper. Endvidere blev et enkelt isolat fra 1996 inkluderet. Resultatet viste, at de danske M gensekvenser overvejende tilhører den eurasiske linje og at homologi mellem M gensekvenser ikke nødvendigvis følger subtyperne af virus, selvom nogle virus af samme subtype har identisk M gensekvens (figur 5). Andre af isolaterne synes at gruppere sig mere i forhold til hvilket år de er isoleret. De højpatogene H5N1 virus, der blev isoleret over en tidsmæssig kort periode i 2006, grupperede sig således tydeligt sammen og tæt på andre H5N1 virus isoleret i Europa i 2006. H13 og H16 subtyperne, der hovedsagligt blev isoleret fra måger, adskilte sig fra de andre subtyper og grupperede sig tydeligt sammen med andre H13 og H16 subtyper isoleret fra måger i det nordøstlige Canada.



Figur 5. Fylogenetisk træ af fuldlængde matrix (M) gensekvenser. De danske sekvenser er farvede således at, H5 subtyper er røde, H7 subtyper er blå, og ikke-H5/H7 subtyper er grønne.

**Tabel 15. Sammenligning af alle generne fra syv danske AI virus med tilgængelige sekvenser i NCBI databasen. I tabellen er der en kort beskrivelse af det virus der har størst lighed til alle 8 gener fra alle 7 virus. F.eks. har PB2 genet fra det danske isolat *A/duck/Denmark/53130-26-30c/2006(H5N3)* 99% homologi til et virus af subtypen H7N7 isoleret i Sverige i 2005. (\* = % homologi; - = sekvens ikke til rådighed.)**

<b>A/duck/Denmark/53130-26-30c/2006(H5N3)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%*</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	99	H7N7	Sverige	2005
PB1	99	H2N3	Sverige	2002
PA	99	H2N3	Sverige	2003
HA	98	H5N2	Sverige	2003
NP	99	H7N7	Sverige	2008
NA	99	Mixed	Sverige	2005
M	100	H11N9	Sverige	2002
NS	99	H4N2	Holland	2001
<b>A/mallard/Denmark/5837-6w/2009(H3N8)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	-	-	-	-
PB1	99	H11N9	Sverige	2002
PA	-	-	-	-
HA	98	H3N6	Holland	2001
NP	99	H8N4	Holland	2006
NA	99	H3N8	Norge	2007
M	99	H10N7	Holland	2000
NS	99	H9N2	Holland	2006
<b>A/pheasant/Denmark/5842-28w/2009(H6N1)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	99	H2N3	Holland	2010
PB1	100	H3N8	Tjekkiet	2011
PA	99	H4N6	Tjekkiet	2010
HA	99	H6N2	Moskva	2006
NP	99	H3N8	Tjekkiet	2011
NA	98	H11N1	Indien	2007
M	99	H11N9	Sverige	2005
NS	100	H3N8	Tjekkiet	2011
<b>A/mallard/Denmark/16104-1w/2010(H6N2)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	99	H2N3	Holland	2010
PB1	99	H5N3	Tjekkiet	2009
PA	99	H5N2	Mongoliet	2007
HA	97	H6N2	Tjekkiet	2009

NP	98	H6N2	Tjekkiet	2009
NA	98	H2N2	Sverige	2006
M	98	H9N2	Kina	2012
NS	99	H3N1	Pakistan	2010
<b>A/mallard/Denmark/16108-2w/2011(H4N6)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	99	H3N8	Tjekkiet	2011
PB1	99	H6N2	Moskva	2006
PA	99	H5N2	Mongoliet	2007
HA	-	-	-	-
NP	98	H7N9	Tjekkiet	2009
NA	97	H10N6	Holland	2006
M	100	H2N2	Sverige	2007
NS	98	H6N5	Taiwan	2004
<b>A/mallard/Denmark/16109-4w/2011(H10N6)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	96	H1N1	Kina/Sanjiang	2007
PB1	98	H3N8	Holland	2006
PA	98	H3N8	Mongoliet	2008
HA	98	H10N1	Korea	2010
NP	99	H4N6	Tjekkiet	2010
NA	97	H10N6	Holland	2006
M	99	H7N2	Holland	2006
NS	98	H7N7	Korea	2007
<b>A/mallard/Denmark/16124-1w/2011(H5N2)</b>				
<i>Gen</i>	<i>%</i>	<i>Subtype</i>	<i>Land/by</i>	<i>År</i>
PB2	99	H7N7	Korea	2009
PB1	98	H6N2	Kina/Hunan	2005
PA	97	H2N2	Holland	1999
HA	98	H5N3	Tjekkiet	2009
NP	98	H2N3	Georgien	2010
NA	98	H5N2	Kina/Xuyi	2005
M	-	-	-	-
NS	99	H10N6	Mongoliet	2007

Alle 8 gensegmenter fra syv danske AI virus blev sekventeret og resultatet sammenlignet med tilgængelige sekvenser i gendatabasen NCBI. I bilag 18 er der en liste over de fem AI virus, der havde størst lighed med de danske virus gener. Tabel 15 er en opsummering af fundene, hvor det virus med størst lighed til det enkelte gen kort er beskrevet (geografisk område, subtype samt hvilke år viruset blev isoleret). Alle gener i alle de analyserede virus havde stor (97-100%) homologi til andre virus, og det var karakteristisk, at virus fundet i Danmark havde stor homologi til mange forskellige virusisolater repræsenterende et stort geografisk område, men udelukkende virus isoleret i Eurasien. Geografisk blev der fundet størst homologi til virus i Skandinavien (Sverige og Norge), Central Europa (Holland), Østeuropa (Tjekkiet, vestlige Rusland; Georgien) samt Asien (østlige Rusland, Mongoliet, Kina, Pakistan, Korea og Taiwan). Sammenlignes

genernes oprindelse indenfor det enkelte virus isolat, er der ikke en umiddelbar sammenhæng til et enkelt andet AI virus. De fleste af generne i f.eks. A/duck/Denmark/53130-26-30c/2006(H5N3) har godt nok størst homologi til AI virus isoleret i Sverige, men det er til forskellige AI virus isoleret på forskellige tidspunkter, så der er ikke tale om hele identiske virus. Andre af de karakteriserede danske virus havde størst lighed til AI virus repræsenterende et meget større geografisk område, f.eks. A/mallard/Denmark/16109-4w/2011(H10N6). Hovedparten af de virus, der har størst homologi til danske virus, er isoleret fra vilde fugle, men der er fundet virusgener i danske vilde fugle, som har størst homologi til fjerkræ i Pakistan og Kina samt til kalkuner i Italien (se bilag 18).

Ingen af de undersøgte NA gener kodede for proteiner med deletion i NA proteinet, som i flere undersøgelser har været relateret til øget virulens i fjerkræ (Li and Cardona, 2010).

## Udbrud af AI H5/H7 i fjerkræ i Danmark

HPAI er endemisk forekommende i fjerkræ i Asien og forekommer ellers i form af sporadiske udbrud. HPAI er en meget smitsom alvorlig infektion i fjerkræ, med store konsekvenser for fjerkræproduktionen. HPAI kan endvidere smitte mennesker ved tæt kontakt med inficerede fugle (Fouchier et al. 2004; Capua and Alexander, 2007). Asiatisk HP H5N1 har en meget høj mortalitetsrate i mennesker, omend infektionen er sjælden og virus anses for ikke at være vel-adapteret til mennesker. Der er imidlertid bekymring for at virus skal mutere til et virus der kan forårsage en human pandemi med høj mortalitet. Der er således en særlig bevågenhed overfor HPAI, både af hensyn til fjerkræproduktion og pga. zoonotiske aspekter.

Da LPAI virus kan mutere til HPAI virus ved cirkulation i fjerkræ, er der også en stor bevågenhed overfor LPAI af især subtyperne H5 og H7 i alle fuglearter, men især i fjerkræ. Af nyere dato er der også en øget bevågenhed globalt overfor H9 subtype AI virus, da disse er konstateret at kunne krydse artsbarrieren (Capua and Alexander, 2007) og er endemisk forekommende i Asien og Mellemøsten (Banks et al. 2000; Zhou et al. 2012). H9N2 influenzavirus er således i de senere år påvist i både fugle, svin og mennesker, og er genstand for pandemisk bevågenhed. Der kendes pt. kun H9 virus i LPAI form, og disse er ikke anmeldeligt i EU inkl. Danmark (Capua and Alexander, 2007), men konstruktion af rekombinant H9 virus med et HA kløvningssite karakteristisk for HPAI virus udviste HP fænotype i kyllinger (Gohrbandt et al. 2011). Sammenholdt med den endemiske forekomst, kan H9 virus have potentiale til udvikling af HPAI varianter.

I Europa inkl. Danmark er der overvågning for AI for at undgå langvarig cirkulation af LPAI i fjerkræ med risiko for udviklingen af HPAI virus til følge, og for at sikre en tidlig detektion såfremt disse forekommer. Der er således fokus på overvågning af virus af subtyperne H5 og H7 i danske fjerkræ. Både HPAI og LPAI af subtyperne H5 og H7 i fjerkræ og vilde fugle indrapporteres til EU.

Der er kun registreret udbrud af HPAI i Danmark i 2006, hvor HP H5N1 blev fundet i både vilde fugle og en hobbybesætning. Udbrud af LPAI H5 eller H7 i fjerkræflokke har fundet sted i 2003, 2006, 2008 og 2010. Disse udbrud beskrives i det følgende kort i kronologisk rækkefølge.

### 2003 – LPAI H5N7.

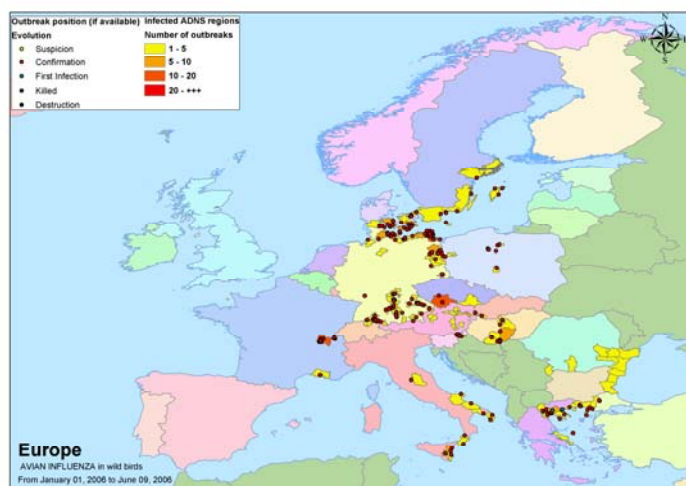
Den 4. september 2003 blev der konstateret LPAI H5 virus i en gråandebesætning, der blev undersøgt pga. forhøjet dødelighed siden 25. august. Virus blev isoleret fra pools af lunge, milt, nyre og hjerne, tarm. Virusisolatet A/Mallard/Denmark/64650/03(H5N7) blev subtypet til LP H5N7 med en kombination af PCR, sekventering, og HI-test (Bragstad et al. 2005). Besætningen bestod af 12.000 gråender opdrættet til udsætning til jagt. Af sikkerhedsmæssige årsager blev besætningen slået ned. Alle fjerkræflokke med adgang til det fri indenfor en radius af 10 km blev undersøgt klinisk og testet serologisk. Alle kontaktbesætninger blev opsporet, inspiceret klinisk og testet virologisk og serologisk. Alle tests var negative for AI virus og antistoffer, og der var ingen kliniske tegn på sygdom. I samme besætning blev der samtidigt ydermere fundet et LPAI virus af subtypen H3N8, som blev isoleret med VI fra pools af hhv. kloaksvabere og tarme, A/Mallard/Denmark/65112/03(H3N8) (Bragstad et al. 2005). Konklusionen på undersøgelserne var at den forhøjede dødelighed formentlig ikke skyldtes infektion med LPAI virus, og at fundene af AI virus var en tilfældig begivenhed. Fylogenetisk analyse af H5 genet fra H5N7 (figur 3), viser en meget høj lighed med H genet i et virus fra en vild gråand, A/mallard/Denmark 65047w/2004(H5N2), som



er sekventeret i forbindelse med udarbejdelsen af denne rapport. Dette tyder på en udveksling af gener mellem vilde fugle i Danmark og dansk fjerkræ, og at udbruddet skyldes kontakt med vilde fugle.

## 2006 - HPAI H5N1

I 2003 blev de første udbrud med HP H5N1 virus rapporteret i Sydøstasien, men dette virus menes at have cirkuleret i denne region tilbage til 1996, og blev endemisk forekommende i regionen. I foråret 2005 spredte virus sig mod nord til Kina, Mongoliet, Rusland og Kazakhstan. I slutningen af året havde det asiatiske HP H5N1 virus nået den sydøstligste del af Europa (Tyrkiet og Rumænien). Rækken af udbrud spredte sig videre ind i Europa i starten af 2006 (figur 6), og virus blev fundet i vilde fugle i 14 EU-lande i løbet af 2005-2006, inkl. Danmark. Det formodes at vilde trækfugle har bidraget til spredning af virusset i Europa. Der var også flere udbrud i fjerkræbesætninger i EU.



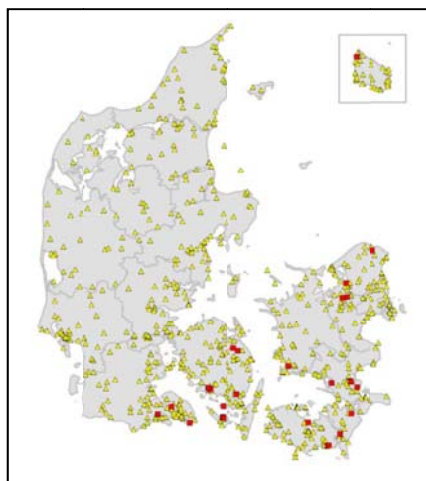
**Figur 6. Kort over udbrud af HP H5N1 i EU 2006.**

Kilde: <http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/adns/map/20060609/europe.htm>

I Danmark blev det første fund af HP H5N1 konstateret 14. marts 2006 i en musvåge (Bragstad et al. 2007; FVST. 2007), som blev fundet død på halvøen Svinø mellem Vordingborg og Næstved, et kendt vådområde med et rigt fugleliv. Der blev i alt fundet HP H5 virus i 44 vilde fugle i den sydøstlige del af Danmark frem til 29. maj 2006 (figur 7). De inficerede fugle var primært ænder (60 %), men også svaner (16 %), rovfugle (18 %), kragefugle (2 %) og andre vandfugle (4 %). En enkelt positiv fugl blev fundet i forbindelse med den aktive overvågning for AI i 2006. Dette var en sølvmåge fra Glænø, 10 km sydøst for Skælskør. Omkring øen findes en række vådområder, hvor mange trækfugle raster, især i efterårs- og vintermånederne. De øvrige 43 fund var i døde fugle i forbindelse med den passive overvågning for AI.

Sekvens- og fylogenetiske analyser viste at de danske virus var meget lig de virus der blev fundet i andre Europæiske lande i den samme periode (Bragstad et al. 2007). Der var størst lighed med virus fra Tyskland, men også en meget høj lighed med virus fra Kroatien, Nigeria, Niger, og Astrakan i Rusland. Analyserne af alle otte gensegmenter viste, at virus havde sin oprindelse i Qinghai 2005 virus stammen fra vilde fugle, og sandsynliggjorde dermed at virus var introduceret til Nordeuropa med trækfugle.





**Figur 7. Test af vilde fugle for HP H5 virus i Danmark i perioden fra januar til maj 2006.** Gule trekanten angiver negative fugle, og røde firkanten angiver fund af HP H5 positive fugle. (Kilde: FVST, 2007).

Den 18. maj blev det hidtil eneste HP H5N1 besætningsudbrud konstateret i en hobbybesætning med kliniske symptomer (FVST, 2007). Besætningen bestod af 102 fugle (41 ænder, 51 høns, 5 gæs, 3 perlehøns og 2 påfugle). 47 af dyrene var døde da udbruddet blev diagnosticeret. De resterende 55 dyr blev slået ned. Virus blev fundet i fire fugle: en påfugl, en hønsefugl og to moskusænder. Besætningen lå ved Hundslev på Fyn.

Virus kan være blevet introduceret fra vilde fugle, da besætningen ikke havde overholdt de gældende regler om at minimere kontakt med vilde fugle ved at holde fuglene under net. Endvidere lå besætningen indenfor en beskyttelseszone etableret efter fund af virus i en død musvåge den 4. april.

## 2006 – tre udbrud af LPAI H5

Den 2. juni 2006 blev der konstateret LPAI H5 i en besætning med opdrættet fjervildt i Jylland nær Viborg. Baggrunden for den virologiske undersøgelse var rutineovervågning af opdrættet fjervildt, og der blev isoleret virus med subtypen H5N3, A/duck/Denmark/53130-26-30/2006(H5N3).

Den 5. juni 2006 blev der konstateret LPAI H5 i en gråandebesætning på Langeland i forbindelse med den virologiske overvågning af opdrættet fjervildt. Der blev også isoleret H5N3 virus, A/mallard/Denmark/53234-6-10/2006(H5N3).

Den 19. juni 2006 blev der igen konstateret AI virus med H5 i vildtopdræt. Denne gang med subtypen H5N2. Virus blev isoleret, A/duck/Denmark/60347-1/2006(H5N2).

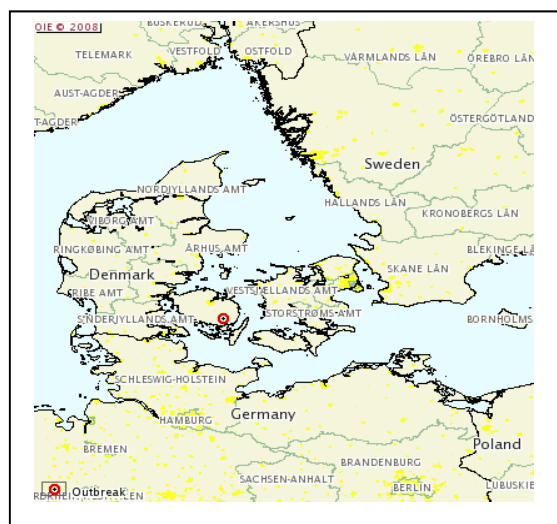
Ingen af besætningerne havde kliniske symptomer, men alle blev slået ned (FVST, 2006) for at forhindre spredning af virus og udvikling af HP AI virus.

I forbindelse med udarbejdelse af denne rapport, er virus fra udbruddet 2. juni fuldgenom sekventeret. BLAST og fylogenetisk analyse viste, at dette virus er tæt beslægtet med andre europæiske og danske virus (figur 3, figur 5 og bilag 18). Sekventering af M generne fra alle tre udbrudsvirus og fylogenetisk analyser viste, at der er en meget høj homologi mellem M generne fra to af de 3 H5 virus. De ligner hinanden mere indbyrdes end de ligner andre virus (figur 5). For alle 3 virus tilhører M generne den euroasiatiske linje af AI virus.

I 2006 blev det vurderet at vilde fugle var en mulig kilde til infektionerne i to af tilfældene (2. og 5. juni), mens det 3. tilfælde blev vurderet at skyldes indirekte kontakt med en af de 2 andre smittede besætninger. De fylogenetiske analyser af M gensekvenserne fra de tre virus understøtter disse antagelser, idet de to H5N3 virus har meget ens M gener, mens H5N2 viruset er fjernere beslægtet på baggrund af M gensekvensen.

## 2008 - LPAI H7N1.

Den 28. april 2008 blev der konstateret fund af LPAI H7 virus i en besætning med 300 gæs, 250 tamænder og 2000 gråænder beliggende nær ved Svendborg på Sydfyn (figur 8). Der blev isoleret virus, A/duck/Denmark/53-147-8/2008(H7N1). Baggrunden for den virologiske undersøgelse var fund af H5 antistoffer i blodprøver indsendt til VET som led i den rutinemæssige serologiske overvågning af AI. Der var ingen kliniske tegn på sygdom i besætningen. Alle fuglene blev aflivet 29. april 2008 (FVST. 2008). Der blev udført en opfølgende virologisk undersøgelse af udbruddet (Therkildsen et al. 2011), hvor der blev fundet H7 virus i gråænder fra en sø på besætningsområdet, men ikke H5 virus. H7 viruset i disse vilde gråænder var identisk med viruset fra tamfjærkræene baseret på analyse af partielle sekvenser fra syv gensegmenter. De vilde ænder havde adgang til spildt foder på besætningsområdet, og det blev observeret at de vilde ænder blandede sig med tamgæsene fra besætningen. Disse undersøgelser viste at virus blev udvekslet mellem tamfjærkræ fra besætningen og de vilde ænder i søen. For at belyse udbredelsen af virus i den lokale population af vilde fugle, blev der taget prøver til virologisk undersøgelse af gråænder og gravænder i nærmiljøet. Ingen af disse blev fundet AI H7 virus positive, hvilket indikerer sparsom eller ingen bevægelse af individer fra søen til de nærtliggende samplingsites, eller en lav virustransmissions rate mellem individer.



Figur 8. LPAI H7N1 udbrud i april 2008.

## 2010 - to udbrud af LPAI H7

Den 9. marts 2010 blev der konstateret LPAI virus med H7 subtypen i en fjerkræbesætning på Sydsjælland. Besætningen var en avls-gråandebesætning, og baggrunden for de virologiske undersøgelser var mistanke om AI med H5/H7 subtype pga. positiv serologisk reaktion i rutineovervågningsprøver. Der var indsendt 45 blodprøver, og der var positiv serologisk reaktion overfor H7 i 7 af disse prøver med titrene: 16, 16, 32, 32,

64, 64, 512. Der var ikke serologisk reaktion overfor H5 i prøverne. Virus kunne ikke isoleres, så NA subtypen kunne ikke bestemmes. Besætningen blev slået ned. Det var ikke muligt at analysere yderligere på dette udbrud.

Den 24. marts 2010 blev der konstateret H7 AI virus i en besætning med avls-ænder beliggende på Vestfyn. Baggrunden for undersøgelsen var mistanke om AI pga. serologisk reaktion overfor H5 i 4 ud af 45 blodprøver, alle med titer 16. Der var ikke reaktion overfor H7 i blodprøverne, som var indsendt i forbindelse med rutineovervågningen for AI. Der blev isoleret virus fra en pool af svælgsvabere og dette blev subtypet til LPAI H7N1. Det må derfor antages at den serologiske reaktion var uafhængig af infektionen med det fundne virus, og et tilfældigt fund. Fylogenetisk analyse af dette virus, A/mallard/Denmark/5364-7/2010(H7N1), viser, at det har et HA gen, der er typisk for eurasisk linje H7 virus. M genet var nært beslægtet med andre danske virus fra vilde gråænder af forskellige subtyper. Den nærmeste slægtning i analysen i figur 5 er et dansk H9N1 virus. Disse iagttagelser støtter antagelsen om udveksling af AI virusgener mellem vilde fugle og tamfjerkræ.

## Diskussion

Data fra overvågningen af aviær influenza i perioden 2003-11 er i nærværende rapport opgjort og resultaterne sammenlignet dels mellem de forskellige år i Danmark og dels med lignende undersøgelser i udlandet. I løbet af de ni år er der løbende foretaget en række ændringer i design og udførsel af programmet, og de anvendte laboratoriemetoder er blevet optimeret og ændret. Sammenligninger af f.eks. prævalenser af AI virus fra år til år skal derfor evalueres med disse forbehold in mente, men i nedenstående diskussion er de vigtigste resultater fremhævet og forsøgt sat i kontekst med lignende programmer i andre europæiske lande.

I alt 21.098 prøver (enkelt og pools) repræsenterende 26.408 fugle er undersøgt i den aktive overvågning siden 2003. Prævalensen af positive prøver har varieret meget fra år til år. Fra de levende fugle var der under 10 % positive prøver de fleste af årene med 20 % i 2004 som topscore. I prøverne fra nedlagt fjervildt var mere end 50 % positive for AI virus ved PCR i 2005 og 2011, mens andelen af positive var omkring de 10 % i 2008-10. Forskellen i antallet af positive prøver mellem levende vilde fugle og nedlagt fjervildt skyldes formentlig forskellen i arts sammensætningen mellem de to kategorier. I den passive overvågning var 0,5-5,5 % af de undersøgte fugle positive.

I den EU koordinerede overvågning, der har deltagelse af stort set alle europæiske lande, har der gennemsnitligt været mellem 2 og 3,5 % positive prøver i den aktive og passive overvågning kombineret (EC. 2012). Prævalenser sammenlignelige med de danske er dog publiceret fra Norge (Germundsson et al. 2010), Tyskland (Schoene et al. 2013), Holland og Sverige (Munster et al. 2007) samt USA og Canada (Krauss et al. 2007a). Årsagen til den relative høje prævalens fundet i Danmark er givetvis, at det aktive danske overvågningsprogram siden 2007 har været målrettet mod at finde influenza A positive fugle. Dette betyder, at der primært er indsamlet prøver fra de arter (*Anseriformes* og *Charadriiformes*), som har vist sig at have den højeste AI virus prævalens, og fordi indsamlingen er foretaget tidsmæssigt og geografisk optimeret, dvs. i efteråret på samlingssteder i relation til trækruter.

Prævalensen af LPAI H5/H7 virus har generelt været under 1 % af de testede prøver, hvilket er sammenligneligt med fund i andre europæiske lande (EC. 2012). Det er lykkedes at isolere virus fra 0,1-3,3 % af prøverne, og virus isolation har været mest effektiv fra kloaksvabere udtaget fra levende vilde fugle og nedlagt fjervildt (aktiv overvågning) frem for fra prøver fra døde fugle (passiv overvågning). Dette er i overensstemmelse med fund i andre lande (Munster et al. 2009) og skyldes formentligt suboptimal opbevaring af prøven efter udtagelse eller nedbrydning af virus som følge af forrådnelse. Generelt er der fundet en højere frekvens af positive prøver når prøverne er udtaget fra nedlagt vildt i forhold til levende vilde fugle. Dette kan forklares ved at størstedelen af prøverne fra nedlagt fjervildt er fra svømmeænder, som har en højere prævalens af AI virus. Det kan ikke udelukkes at det også kan skyldes, at det er lettere at håndtere prøverne optimalt på vildthåndteringsvirksomhederne frem for i felten. Resultaterne er i overensstemmelse med tyske undersøgelser, der viste at chancen for at påvise AI virus i en prøve var 2,4 gange højere i prøver fra nedlagt vildt end i alle andre prøver og at en øget chance for at påvise virus endvidere var artsafhængig (Schoene et al. 2013).

Forekomsten af AI virus i de døde fugle (passiv overvågning) var relativt lille, men denne overvågningsmetode er den mest optimale til overvågning for HPAI (Schoene et al. 2013). Prøveantallet i den passive overvågning var relativt lavt, men det er i overensstemmelse med resten af Europa, idet 14 medlemsstater i 2001 undersøgte mindre end 1000 fugle i alt (EC. 2012).

Generelt har det vist sig at kloaksvabere er mere anvendelige end svælgprøver til påvisning af LPAI, og pooling af prøver har ligeledes vist sig at øge chancen for et positivt resultat. I 2008, 2009 og 2010 hvor der separat blev testet kloak- og svælgsvabere fra samme fugl med PCR i den aktive overvågning, ville 89 % (373 af 418) af fuglene være blevet vurderet positive for AI virus, hvis det kun var kloaksvaberprøverne der var blevet testet, til gengæld var kun 15 % af fuglene positive i svælgsvaberprøverne. Ved test af kun kloaksvabere ville 95 % af de H5/H7 positive fugle være blevet korrekt identificeret. Et tysk studie har ligeledes vist, at antallet af positive kloaksvabere var signifikant større end antallet af positive svælgsvabere til påvisning af AI virus i gråænder (Munster et al. 2009).

Ved pooling af svabere i 2011, hvor den aktive overvågning blev udført på kloaksvabere fra op til 5 fugle i én pool, var 29,7 % af prøverne AI virus PCR positive. Hvis man antager, at der kun var én positiv fugl repræsenteret i hver pool, svarer det til at 7,9 % af fuglene var AI virus PCR positive. Dette er på samme niveau som de tidligere år. Det er imidlertid meget sandsynligt at flere end én fugl i nogle af de undersøgte pools var positive, hvilket svarer til at minimum 7,9 % af de undersøgte fugle var positive. Andelen af H5/H7 positive fugle er tilsvarende minimum 2,2 %, hvilket svarer til de foregående år. Pooling er valideret i et udenlandsk studie, hvor det blev vist at pooling havde ingen eller kun meget ringe indflydelse på den tekniske sensitivitet af PCR påvisningen (Arnold et al. 2012). En evt. marginalt lavere sensitivitet opvejes så rigeligt ved test af flere fugle, som pooling netop giver mulighed for. Ved pooling af kloaksvabere er der i 2011 fundet et tilsvarende antal AI viruspositive fugle baseret på færre prøver (og prøveomkostninger) som i de foregående år, hvor der separat er testet kloak- og svælgsvabere. Ulempen ved pooling er at der er stor chance for tilstedeværelsen af flere forskellige virus i samme pool, hvilket kan komplicere laboratorieanalysen samt sløre det reelle antal af inficerede fugle.

Virusisolationsraten i 2011 er den højeste observerede i overvågningsperioden. En af årsagerne hertil kan være at det er nemmere at håndtere et færre antal prøver over kort tid, både i felten og i laboratoriet. En anden vigtig årsag kan være, at der er testet relativt meget nedlagt fjervildt udtaget på vildthåndteringsvirksomheder. Ni af de 12 isolater i 2011 er isoleret fra prøver fra nedlagt vildt der er opsamlet på vildthåndteringsvirksomhedsstationer, hvor det er nemmere at opbevare prøverne optimalt. Til VI er det afgørende, at der er levende virus i prøven, når den ankommer til laboratoriet.

Overvågningen i fjerkræ og opdrættet fjervildt er foretaget dels som en virologisk overvågning af fjervildtafkom til udsættelse og dels en serologisk overvågning af fjerkræ- og fjervildtbesætninger. I perioden 2006-2011 er mere end 1500 indsendelser af opdrættet fjervildt undersøgt for virus med meget få (<5 %) positive resultater og alle med negativt resultat for H5/H7 virus (tabel 13, side 23). Tilsvarende er der siden 2007 undersøgt ca. 10.000 serumprøver om året for antistoffer (tabel 12) mod H5 og H7 AI virus i fjerkræbesætninger. Der har været adskillige tilfælde af serologisk reaktion mod H5 og H7, men virus er kun påvist i de opfølgende svaberprøver i 3 tilfælde (alle LPAI). I to af disse tilfælde var der ikke overensstemmelse mellem H subtyperne, idet de virologiske undersøgelser i begge tilfælde var iværksat på baggrund af påviste H5 antistoffer, og de påviste virus var H7 virus. Forklaringen er sandsynligvis, at der på et tidligere tidspunkt havde været H5 virus i besætningerne, og at der endnu ikke var sket serokonvertering overfor de H7 virus, der blev fundet i den virologiske undersøgelse. Værdien af denne type overvågning med henblik på identifikation af cirkulerende H5/H7 virus er derfor tvivlsom, men analysen er vigtig i forhold til at dokumentere frihed for AI virus i den kommercielle sektor.

Med henblik på at belyse epidemiologien af AI virus i Danmark blev der foretaget genetisk karakterisering af en række danske AI virus isoleret i perioden 2003-2011.

I perioden 2003-2011 er der karakteriseret i alt 97 virusisolater repræsenterende 33 forskellige kombinationer af H og N som led i overvågningen af vilde fugle. H3, H4, H6 og N2, N6, N8 var de hyppigst forekommende gener og H3N8 (n=14), H4N6 (n=14) og H6N2 (n=12) var de oftest isolerede AI virus. Diversiteten af cirkulerende AIV er i overensstemmelse med hvad der er fundet i andre europæiske lande, hvilket bekræfter, at de eurasiatiske fugle indeholder en fælles genpool, der hyppigt udveksles indenfor og mellem arter, og som hyppigt indgår i nye subtype kombinationer (Munster et al. 2007; Wallensten et al. 2007; Schoene et al. 2013; Van Borm et al. 2012).

AI virusgener kan på baggrund af fylogenetiske analyser inddeles i henholdsvis den eurasiske linje (herunder afrikanske og australske virus) og den nordamerikanske linje (primært Canada og USA) (Munster and Fouchier, 2009; Krauss and Webster, 2010). Generelt er de to linjer adskilte og selvom der er sporadiske rapporter om udveksling af gener mellem de to linjer, især i USA, er der aldrig påvist udveksling af hele virus (Krauss et al. 2007b). Analyse af M genet fra 58 AI virus isoleret fra danske vilde fugle viste, at alle virus fra andefugle indeholdt et M gen, som grupperede sig sammen med eurasiske virus. Analysen af alle otte gensegmenter fra danske virus isoleret fra syv andefugle (*Anseriformes*) og en fasan (*Galliformes*) viste ligeledes, at generne havde størst lighed med gener fundet i virus fra Eurasien. Endvidere havde HA generne fra ni LPAI H5/H7 virus fra perioden 2006-11 og 12 LPAI virus karakteriseret i 2003 (Handberg et al. 2010) størst lighed med eurasiske virus. Samlet set viser disse resultater, at de AI virus og AI virusgener der findes i danske andefugle, er af eurasiske oprindelse, og at AI virus i Danmark – lige som i resten af Europa og Asien – indeholder en pool af gener, der udveksles på tværs af geografiske lokaliteter og mellem forskellige AI virus subtyper (Fouchier and Munster, 2009; Munster and Fouchier, 2009; Smietanka et al. 2011; Dundon et al. 2012). M genanalyserne af H13 og H16 subtyper isoleret fra fugle i ordenen *Charadriiformes* (måger og ternere), grupperede sig til gengæld sammen med andre H13/H16 virus fra både Nordeuropa og Nordamerika, hvilket er karakteristisk for disse subtyper (Munster and Fouchier, 2009). Disse fund er i overensstemmelse med fund i andre europæiske lande, i det der i Europa kun meget sjældent er fundet gener af nordamerikansk oprindelse. Det er dog beskrevet i fx en lomvie i Sverige (Wallensten et al. 2005) og i måger og andre *Charadriiformes* arter i Belgien (Van Borm et al. 2012), mens to AI virus med gener fra både den eurasiske og nordamerikanske linje er beskrevet i tamænder i Italien (Fusaro et al. 2010). Som følge af forskelle på trækruter mellem arter tilhørende *Anseriformes* og *Charadriiformes*, selvom denne forskel ikke er entydigt generel, anses primært sidstnævnte for at være involveret i udveksling af gener mellem de to hemisfærer – såkaldte broværter (bridge-hosts).

Selvom udvekslingen af gener mellem Eurasien og Nordamerika er sjælden, kan introduktionen af nye gensegmenter have fatale konsekvenser for diagnostik og overvågning af AI i Europa, idet dette kan medføre at sensitiviteten af eksisterende PCR tests nedsættes væsentligt. Genetisk drift kan også medføre en nedsat diagnostisk sensitivitet, derfor er det vigtigt at overvåge udviklingen af virus i vilde fugle under danske forhold med sekvensanalyser, for hele tiden at have vished for at de diagnostiske PCR metoder er tilstrækkelige. F.eks. var der i foråret 2012 et udbrud med LPAI H5N2 virus i kalkuner i Holland, hvor der var problemer med subtypning af virus. Det viste sig efterfølgende at dette virus havde et H5 gen med 4 mutationer i det ene primerområde og 1 mutation i probeområdet for det af EU referencelaboratoriet anbefalede Eurasian H5 specifikke real-time RT-PCR subtypningsassay (www.flulabnet.eu citeret: 27.3.2012; Gus Koch).

Baggrunden for at overvåge vilde fugle for AI virus er risikoen for at virus, der cirkulerer i den vilde fauna, vil smitte til fjerkræ. Med henblik på at undersøge om der sker udveksling af virus og virusgener indenfor og mellem disse fuglepopulationer i Danmark, blev der foretaget fylogenetiske analyser af AI virus isoleret fra

vilde fugle og fra tamfjerkræ. Analysen viste at H genet fra et virus der i 2003 var isoleret fra en andebesætning var næsten 100 % identisk med et virus der blev isoleret fra en vild gråand i 2004. Den 2. juni 2006 blev der konstateret LPAI H5 virus i en besætning med opdrættet vildt ved Viborg og tre dage senere blev LPAI H5 konstateret i en besætning på Langeland. Analyser foretaget i forbindelse med udarbejdelse af nærværende rapport viste, at M generne fra de to udbrud var næsten identiske, hvilket indikerer, at der var sket direkte smitte mellem de to besætninger. M genet fra et 3. udbrud det år var til gengæld meget forskelligt fra de to andre virus, hvilket viser, at der ikke var en direkte epidemiologisk forbindelse mellem dette og de to andre udbrud. Også analyse af generne fra LPAI H7N1 virus isoleret fra både tamænder i en besætning ved Svendborg på Sydfyn og fra vilde ænder i et nærliggende vandreservoir i 2008 sandsynliggjorde, at der var sket smitte med virus fra vilde ænder til tamfjerkræ eller omvendt (Therkildsen et al. 2011). Tilsvarende blev en enkelt dansk fjerkræbesætning smittet med HPAI H5N1 samtidigt med fund af virus i 44 vilde fugle under epidemien i 2006 (Bragstad et al. 2007).

Samlet set bekræfter undersøgelserne, at der sker udveksling af såvel virusgener som hele AI virus mellem vilde fugle og tamfjerkræ under danske forhold, og de indikerer at virus i nogle tilfælde udveksles mellem besætninger. Dette er i overensstemmelse med tilsvarende undersøgelser af LPAI udbrud i en række lande både i Europa (Cecchinato et al. 2010) og Nordamerika (Ping et al. 2012). De danske resultater understreger at molekylærbiologiske metoder er anvendelige til kortlægning af smitteveje og til smittesporing af AI virus.

## Referencer

- Anonymous 2010. Commission Decision of 25 June 2010 on the Implementation by Member States of Surveillance Programmes for Avian Influenza in Poultry and Wild Birds. 2010/L237/EU. Off J Eur Commun L166, 22-32.
- Alexander, D.J., 2007. An Overview of the Epidemiology of Avian Influenza. *Vaccine* 25, 5637-5644.
- Alexander, D.J., 2000. A Review of Avian Influenza in Different Bird Species. *Vet. Microbiol.* 74, 3-13.
- Arnold, M.E., Slomka, J.M., Coward, V.J., Mahmood, S., Raleigh, P.J., Browne, I.H., 2012. Evaluation of the Pooling of Swabs for Real-Time PCR Detection of Low Titre Shedding of Low Pathogenicity Avian Influenza in Turkeys. *Epidemiology and Infection*, 1-12.
- Banks, J., Speidel, E.C., Harris, P.A., Alexander, D.J., 2000. Phylogenetic Analysis of Influenza A Viruses of H9 Haemagglutinin Subtype. *Avian Pathol.* 29, 353-359.
- Banks, J., Speidel, E.S., Moore, E., Plowright, L., Piccirillo, A., Capua, I., Cordioli, P., Fioretti, A., Alexander, D.J., 2001. Changes in the Haemagglutinin and the Neuraminidase Genes Prior to the Emergence of Highly Pathogenic H7N1 Avian Influenza Viruses in Italy. *Archives of Virology* 146, 963-973.
- Bragstad, K., Jørgensen, P.H., Handberg, K.J., Møllergaard, S., Corbet, S., Fomsgaard, A., 2005. New Avian Influenza A Virus Subtype Combination H5N7 Identified in Danish Mallard Ducks. *Virus Res.* 109, 181-190.
- Bragstad, K., Jørgensen, P., Handberg, K., Hammer, A., Kabell, S., Fomsgaard, A., 2007. First Introduction of Highly Pathogenic H5N1 Avian Influenza A Viruses in Wild and Domestic Birds in Denmark, Northern Europe. *Virology Journal* 4, 43.
- Bønløkke, J., Madsen, J.J., Thorup, K., Pedersen, K.T., Bjerrum, M., Rahbek, C., 2006. [Dansk Trækfugleatlas](#). Rhodos, Humlebæk, 880 sider.
- Capua, I., Alexander, D.J., 2007. Animal and Human Health Implications of Avian Influenza Infections. *Biosci. Rep.* 27, 359-372.
- Cattoli, G., Fusaro, A., Monne, I., Capua, I., 2009. H5N1 Virus Evolution in Europe—An Updated Overview. *Viruses* 2009, 1, 1351-1363. *Viruses* 1, 1351-1363.
- Cecchinato, M., Ceolin, C., Busani, L., Pozza, M.D., Terregino, C., Moreno, A., Bonfanti, L., Marangon, S., 2010. Low Pathogenicity Avian Influenza in Italy during 2007 and 2008: Epidemiology and Control. *Avian Dis.* 54, 323-328.
- Chen, H., Smith, G.J.D., Zhang, S.Y., Qin, K., Wang, J., Li, K. S., Webster, R.G., Peiris, J. S. M., Guan, Y. 2005. Avian flu: H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. *Nature* 436, 191-192.
- Dundon, W.G., Heidari, A., Fusaro, A., Monne, I., Beato, M.S., Cattoli, G., Koch, G., Starick, E., Brown, I.H., Aldous, E.W., Briand, F., Le Gall-Reculé, G., Jestin, V., Jørgensen, P.H., Berg, M., Zohari, S., Metreveli, G., Munir, M., Ståhl, K., Albina, E., Hammoumi, S., Gil, P., Servan de Almeida, R., Śmietanka, K., Domańska-Blicharz, K., Minta, Z., Van Borm, S., van den Berg, T., Moreno Martin, A., Barbieri, I., Capua, I., 2012. Genetic Data from Avian Influenza and Avian Paramyxoviruses Generated by the European Network of Excellence (EPIZONE) between 2006 and 2011—Review and Recommendations for Surveillance. *Vet. Microbiol.* 154, 209-221.
- EC, 2012. [http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/avian/eu\\_resp\\_surveillance\\_en.htm](http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/avian/eu_resp_surveillance_en.htm).



- Fouchier, R.A., Munster, V., Wallensten, A., Bestebroer, T.M., Herfst, S., Smith, D., Rimmelswaan, G.F., Olsen, B., Osterhaus, A.D., 2005. Characterization of a Novel Influenza A Virus Hemagglutinin Subtype (H16) obtained from Black-Headed Gulls. *J. Virol.* 79, 2814-2822.
- Fouchier, R.A., Munster, V.J., 2009. Epidemiology of Low Pathogenic Avian Influenza Viruses in Wild Birds. *Rev. Sci. Tech.* 28, 49-58.
- Fouchier, R.A.M., Schneeberger, P.M., Rozendaal, F.W., Broekman, J.M., Kemink, S.A.G., Munster, V., Kuiken, T., Rimmelzwaan, G.F., Schutten, M., van Doornum, G.J.J., Koch, G., Bosman, A., Koopmans, M., Osterhaus, A.D.M.E., 2004. Avian Influenza A Virus (H7N7) Associated with Human Conjunctivitis and a Fatal Case of Acute Respiratory Distress Syndrome. *PNAS* 101, 1356-1361.
- Fusaro, A., Monne, I., Cattoli, G., De Nardi, R., Salviato, A., Moreno Martin, A., Capua, I., Terregino, C., 2010. Gene Segment Reassortment between Eurasian and American Clades of Avian Influenza Virus in Italy. *Arch. Virol.* 155, 77-81.
- FVST, 2008. Animal Health in Denmark 2008.  
<http://www.foedevarestyrelsen.dk/Publikationer/Sider/publikationDetalje.aspx?pub=2010092> .
- FVST, 2007. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Denmark, Spring 2006. 5.  
[http://www.foedevarestyrelsen.dk/Publikationer/Alle\\_publicationer/2007005.pdf](http://www.foedevarestyrelsen.dk/Publikationer/Alle_publicationer/2007005.pdf)
- FVST, 2006. Animal Health in Denmark 2006.  
<http://www.foedevarestyrelsen.dk/Publikationer/Sider/publikationDetalje.aspx?pub=2008091> .
- Germundsson, A., Madslie, K., Hjortaas, M., Handeland, K., Jonassen, C., 2010. Prevalence and Subtypes of Influenza A Viruses in Wild Waterfowl in Norway 2006-2007. *Acta Vet. Scand.* 52, 28.
- Gohrbandt, S., Veits, J., Breithaupt, A., Hundt, J., Teifke, J.P., Stech, O., Mettenleiter, T.C., Stech, J., 2011. H9 Avian Influenza Reassortant with Engineered Polybasic Cleavage Site Displays a Highly Pathogenic Phenotype in Chicken. *J. of Gen. Vir.* 92, 1843-1853.
- Handberg, K.J., Therkildsen, O.R., Jørgensen, P.H., 2010. Genetic Analysis of Avian Influenza Virus from Wild Birds and Mallards Reared for Shooting in Denmark. *Avian Dis.* 54, 420-425.
- Hatta, M., Gao, P., Halfmann, P., Kawaoka, Y., 2001. Molecular Basis for High Virulence of Hong Kong H5N1 Influenza A Viruses. *Science* 293, 1840-1842.
- Jørgensen, P.H., Nielsen, O.L., Hansen, H.C., Manvell, R.J., Banks, J., Alexander, D.J., 1998. Isolation of Influenza A Virus, Subtype H5N2, and Avian Paramyxovirus Type 1 from a Flock of Ostriches in Europe. *Avian Pathol.* 27, 15-20.
- Jørgensen, P.H., Handberg, K. & Therkildsen, O.R. 2003. Newcastle Disease og Aviær Influenza hos vilde fugle i Danmark. Danmarks Veterinærinstitut. Årsberetning 2002: 26-28.
- Jørgensen, P.H. & Therkildsen, O.R. 2004. Forekomst af Aviær Influenza og Newcastle Disease i vilde danske fugle i 2003. Danmarks Fødevareforskning. 8 s.
- Keawcharoen, J., van Riel, D., van Amerongen, G., Bestebroer, T., Beyer, W.E., van Lavieren, R., Osterhaus, A.D.M.E., Fouchier, R.A.M., Kuiken, T., 2008. Wild Ducks as Long-Distance Vectors of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus (H5N1). *Emerg. Infect. Dis.* 14, 600-607.
- Krauss, S., Obert, C.A., Franks, J., Walker, D., Jones, K., Seiler, P., Niles, L., Pryor, S.P., Obenauer, J.C., Naeve, C.W., Widjaja, L., Webby, R.J., Webster, R.G., 2007a. Influenza in Migratory Birds and Evidence of Limited Intercontinental Virus Exchange. *PLOS pathog* 3, 167.

- Krauss, S., Obert, C.A., Franks, J., Walker, D., Jones, K., Seiler, P., Niles, L., Pryor, S.P., Obenauer, J.C., Naeve, C.W., Widjaja, L., Webby, R.J., Webster, R.G., 2007b. Influenza in Migratory Birds and Evidence of Limited Intercontinental Virus Exchange. *PLoS Pathog.* 3, e167.
- Krauss, S., Webster, R.G., 2010. Avian Influenza Virus Surveillance and Wild Birds: Past and Present. *Avian Dis.* 54, 394-398.
- Li, J., Cardona, C.J., 2010. Adaptation and Transmission of a Wild Duck Avian Influenza Isolate in Chickens. *Avian Diseases* 54, 586-590.
- Manzoor, R., Sakoda, Y., Mweene, A., Tsuda, Y., Kishida, N., Bai, G., Kameyama, K., Isoda, N., Soda, K., Naito, M., Kida, H., 2008. Phylogenetic Analysis of the M Genes of Influenza Viruses Isolated from Free-Flying Water Birds from their Northern Territory to Hokkaido, Japan. *Virus Genes* 37, 144-152.
- Munster, V.J., Baas, C., Lexmond, P., Bestebroer, T.M., Guldemeester, J., Beyer, W.E., de Wit, E., Schutten, M., Rimmelzwaan, G.F., Osterhaus, A.D., Fouchier, R.A., 2009. Practical Considerations for High-Throughput Influenza A Virus Surveillance Studies of Wild Birds by use of Molecular Diagnostic Tests. *J. Clin. Microbiol.* 47, 666-673.
- Munster, V.J., Baas, C., Lexmond, P., Waldenstrom, J., Wallensten, A., Fransson, T., Rimmelzwaan, G.F., Beyer, W., Schutten, M., Olsen, B., Osterhaus, A., Fouchier, R., 2007. Spatial, Temporal, and Species Variation in Prevalence of Influenza A Viruses in Wild Migratory Birds. *PLoS Pathog* 3, 630-638.
- Munster, V.J., Fouchier, R.A.M., 2009. Avian Influenza Virus: Of Virus and Bird Ecology. *Vaccine* 27, 6340-6344.
- Ping, J., Selman, M., Tyler, S., Forbes, N., Keleta, L., Brown, E.G., 2012. Low-Pathogenic Avian Influenza Virus A/Turkey/Ontario/6213/1966 (H5N1) is the Progenitor of Highly Pathogenic A/Turkey/Ontario/7732/1966 (H5N9). *J. Gen. Virol.* 93, 1649-1657.
- Schoene, C.U., Staubach, C., Grund, C., Globig, A., Kramer, M., Wilking, H., Beer, M., Conraths, F.J., Harder, T.C., the BL Monitoring Group, 2013. Towards a New, Ecologically Targeted Approach to Monitoring Wild Bird Populations for Avian Influenza Viruses. *Epidemiol. Infect.* , 1-11.
- Smietanka, K., Pikula, A., Minta, Z., Meissner, W., 2011. Evidence of Persistence and Multiple Genetic Modifications of H7N7 Low-Pathogenic Avian Influenza Virus in Wild Mallards in Poland Provided by Phylogenetic Studies. *Avian Pathol.* 40, 131-138.
- Stech, O., Veits, J., Weber, S., Deckers, D., Schröder, D., Vahlenkamp, T.W., Breithaupt, A., Teifke, J., Mettenleiter, T.C., Stech, J., 2009. Acquisition of a Polybasic Hemagglutinin Cleavage Site by a Low-Pathogenic Avian Influenza Virus is Not Sufficient for Immediate Transformation into a Highly Pathogenic Strain. *J. Virol.* 83, 5864-5868.
- Therkildsen, O.R., 2003. Newcastle Disease i Vilde Fugle. En Gennemgang Af Litteraturen Med Henblik På at Udpege Mulige Smittekilder for Dansk Fjerkræ. Danmarks Miljøundersøgelser. Faglig rapport fra DMU 448, 1-1-62.
- Therkildsen, O.R., Jensen, T.H., Handberg, K.J., Bragstad, K., Jørgensen, P.H., 2011. Low Pathogenic Avian Influenza (H7N1) Transmission between Wild Ducks and Domestic Ducks. *Zoonoses and Public Health* 58, 312-317.
- Van Borm, S., Rosseel, T., Vangeluwe, D., Vandenbussche, F., van den Berg, T., Lambrecht, B., 2012. Phylogeographic Analysis of Avian Influenza Viruses Isolated from Charadriiformes in Belgium Confirms Intercontinental Reassortment in Gulls. *Arch. Virol.* 157, 1509-1522.
- Verhagen, J.H., Munster, V.J., Fouchier, R.A.M., 2011. 28 - Ecology and Evolution of Avian Influenza Viruses. *Genetics and Evolution of Infectious Disease*. Elsevier, London, pp. 729-749.

- Wallensten, A., Munster, V.J., Elmberg, J., Osterhaus, A.D., Fouchier, R.A., Olsen, B., 2005. Multiple Gene Segment Reassortment between Eurasian and American Lineages of Influenza A Virus (H6N2) in Guillemot (*Uria Aalge*). *Arch. Virol.* 150, 1685-1692.
- Wallensten, A., Munster, V.J., Latorre-Margalef, N., Brytting, M., Elmberg, J., Fouchier, R.A., Fransson, T., Haemig, P.D., Karlsson, M., Lundkvist, A., Osterhaus, A.D., Stervander, M., Waldenstrom, J., Bjorn, O., 2007. Surveillance of Influenza A Virus in Migratory Waterfowl in Northern Europe. *Emerg. Infect. Dis.* 13, 404-411.
- Zhou, J., Ge, F., Liu, J., Ju, H., Yang, D., Wang, J., Zhang, W., Liu, P., 2012. Epidemiological Survey and Genetic Evolution of H9 Subtype Influenza Viruses in Shanghai, China, from 2006 to 2010. *Archives of Virology* 157, 1193-1198.

# BILAG.

## Bilag 1. AI fund i den aktive virologiske overvågning af levende vilde fugle i 2003.

AI fund i den aktive virologiske overvågning af levende vilde fugle i 2003							
Lab.ID.	Modtagelses dato	Arter	Lokalitet	H5 PCR	H7 PCR	Konklusion ved PCR og sekventering	Virus
7565472-13	26-sep-03	Grå-/pibeand	Møn, Ulvshale, Teglværksbroen	H5	neg	H5 LPAI	
7565472-21	26-sep-03	Krik-/pibeand	Møn, Ulvshale, Mågenakken	H5	neg	H5 LPAI	
7565472-29	26-sep-03	Krik-/pibeand	Møn, Ulvshale, Mågenakken	neg	H7	H7 LPAI	
7565472-31	26-sep-03	Krik-/pibeand	Møn, Ulvshale, Mågenakken	H5	neg	H5 LPAI	
7565472-40	26-sep-03	Krik-/pibeand	Møn, Ulvshale, Mågenakken	neg	H7	H7 LPAI	
7565472	25-sept-03	Grå-/pibeand	Møn, Ulvshale, Mågenakken				2xH3N2 H3N6 2xH3N8 5xH4N6
7566656-3	20-nov-03	Grå- /pibeand (krikand)	Geddal Enge, Sønder Lem Vig	H5	neg	H5 LPAI	
7566656	19-nov-03	Grå-/pibeand	Geddal Enge, Sønder Lem Vig				H3N8 H6N8
7566695	24-nov-03	Grå-/pibeand	Møn, Ulvshale, Teglværksbroen				H1N1 H10N7
7565791	9-sep-03	Grågåas	Geddal Enge, Sønder Lem Vig				H6N5
Ialt				4	2		15

**Bilag 2. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2004.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2004										
Lokalitet	Kategori	Art	Antal prøver	Prøve materiale	AI virus ikke-H5/H7 VI	AI PCR positiv	H5 VI positiv	H5 PCR positiv	H7 VI positiv	H7 PCR positiv
Vestsjællands amt	Nedlagt	Gråand	48	K		20	0	0	0	0
Storstrøms amt	Nedlagt	Gråand	48	K		0	0	0	0	0
Fyn	Levende	Pibeand	29	G		1	0	0	0	0
Ribe	Levende	Gråand	27	G		5	0	1	0	0
Ribe	Nedlagt	Spidsand	28	K-e		5	0	1	0	0
Ringkøbing	Levende	Gråand	26	G		6	0	0	0	0
Ringkøbing	Levende	Grå- /Pibeand	25	G		3	0	0	0	0
Ringkøbing	Levende	Krikand	60	G		25	0	4	0	0
Ringkøbing	Levende	Krik- /Pibeand	65	G		20	2	5	0	0
Ringkøbing	Levende	Pibeand	49	G		13	0	0	0	0
Storstrøm	Levende	Anas sp.	31	G		3	0	2	0	0
Storstrøm	Levende	Gråand	28	G		3	0	0	0	0
Storstrøm	Levende	Krikand	6	G		2	0	0	0	0
Storstrøm	Levende	Pibeand	35	G		0	0	0	0	0
Storstrøm	Levende	Pibe- /Krikand	30	G		1	0	0	0	0
Storstrøm	Levende	Pibe- /Gråand	47	G		2	0	0	0	0
Storstrøm	Nedlagt	Spidsand	19	K-e		1	0	0	0	0
Sønderjylland	Levende	Gråand	27	G		11	0	0	0	0
Sønderjylland	Levende	Krikand	24	G		5	0	0	0	0
Sønderjylland	Levende	Pibeand	81	G		22	0	0	0	0
Viborg	Levende	Krikand	7	G		0	0	0	0	0
Viborg	Levende	Pibeand	21	G		3	0	0	0	0
Total, prøver			761		8	151	2	13	0	0
Total, fugle			3617							

G= gødningsprøver pools á 5; K=kloaksvabere pools á 5. K-e=kloaksvaber fra enkelt dyr.

Alle fund af H5 og H7 er LPAI.

**Bilag 3. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2005.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2005									
måned	Kategori	Art	Antal pools	Prøvetype	Antal prøver (fugle)	Lokalitet	AI PCR Positiv	H5/H7 PCR pos	AI virus VI
09	Nedlagt	Gråand	80	K	400	Sydsjælland	48	9xH5 LP H7 LP	H3N8 H7N5
09	Nedlagt	Krikand/gråand	10	K	50	Sydsjælland	8		
10	Nedlagt	gråand	80	K	400	Sydsjælland	39	8xH5	2xH3N8
11	Nedlagt	gråand	73	K	365	Sydsjælland	41	5xH5	H9N1
11	Nedlagt	fasan	20	K	100	Sydsjælland			
11	Nedlagt	Krikand	4	K	20	Sydsjælland	3		
12	Nedlagt	Canada gås	4	K	20	Sydsjælland			
12	Nedlagt	Gråand	10	K	50	Sydsjælland	5		H1N1 H1N3
12	Nedlagt	Vildgås	5	K	25	Sydsjælland			
12	Nedlagt	Grågås	3	K	15	Sydsjælland			
I alt	Nedlagt		289		1445		144	23	
09	Levende	And	80	G		Møn/Nyord	7		H11N9
10	Levende	Gråand	40	G		Møn/Nyord	25	H5 H7	H1N1 3xH4N6 H5N3 H7N7 H11N9
11	Levende	Gråand	46	G		Møn/Nyord	2		H3N8
11	Levende	Krikand	20	G		Møn/Nyord	2		
11	Levende	Pibeand	22	G		Møn/Nyord			
11	Levende	svømmeand	9	G		Møn/Nyord			
11	Levende	Vandre falk	1	G		Møn/Nyord			
12	Levende	Gråand	50	G		Møn/Nyord	1		
I alt			268		1340		37	2	
Totalt			557		2785 fugle		181	23 H5 LP 2 H7 LP	16

G= gødningsprøver pools á 5; K=kloaksvabere.

Alle fund af H5 og H7 er LPAI.

**Bilag 4. Levende vilde fugle i den aktive AI overvågning 2006.**

Levende vilde fugle indsamlet og testet i den aktive overvågning i 2006							
Art	Latin	Lokalitet	Antal prøver* Individuelt/ fugle i pools/antal pools	AI PCR positive prøver*	H5 PCR positive prøver*	H7 PCR positive prøver*)	Isolater
Blisgås	Anser albifrons	Maribo	0/135/27	0/5/1	0	0	
Blishøne	Fulica atra	Odense Fjord	2/0/0	0			
Blåmejse	Parus Caeruleus	Kerteminde	6/0/0	0			
Bramgås	Branta leucopsis	Møn, Vadehavet	0/365/73	0			
Bysvale	Delichon urbica	Kerteminde	40/0/0	0			
Canada-/ Grågås	Branta canadensis/ Anser anser	Stege bugt	0/100/20	0			
Canadagås	Branta canadensis	Stege Bugt, Vordingborg	22/100/20	0			
Ederfugl	Somateria mollissima	Odense Fjord	73/0/0	0			
Gråand	Anas platyrhynchos	Limfjorden, Møn, Vadehavet, Odense	116/75/15	8/0/0	3/0/0	0	
Grågås	Anser anser	Limfjorden, Vadehavet, Middelfart, Ringkøbing,	140/110/22	0			
Gråkrage	Corvus cornix	Kerteminde	2/0/0	0			
Gråspurv	Passer domesticus	Kerteminde	11/0/0	0			
Hjejle	Pluvialis apricaria	Vadehavet	0/150/30	0			
Hættemåge	Larus ridibundus	Haderslev, Kerteminde, Odense Fjord	276/100/20	0			
Knopsvane	Cygnus olor		132/120/24	4/5/1	0	0	
Kortnæbbet gås	Anser brachyrhynchus	Ringkøbing	0/215/43	0			
Krikand	Anas crecca	Vadehavet, Møn, Ringkøbing	252/60/12	6/0	3/0/0	0	
Landsvale	Hirundo rustica	Kerteminde	23/0/0	0			
Lysbuget knortegås	Branta bernicla hrota	Mors	44/0/0	0			
Musvit	Parus major	Odense Fjord	4/0/0	0			
Mørkbuget knortegås	Branta bernicla bernicla	Vadehavet	3/75/15	0			
Pibeand	Anas penelope	Vadehavet, Møn	524/75/15	7/0/0	0	0	
Sangsvane	Cygnus cygnus	Guldborgsund	0/195/39	0/10/2	0/5/1	0	
Sildemåge	Larus fuscus	Bogø-Møn	20/0/0	0			
Skarv	Phalacrocoracidae	Vadehavet, Bogense	40/75/15	0			
Slørugle	Tyto alba	Fortrolig	3/0/0	0			
Sølvmåge	Larus argentatus	Glænø	242/575/115	0/120/24	0/5/1**	0	H13N6 H14N5
Splitterne	Sterna sandvicensis	Skalø	20/0/0	0			
Stær	Sturnus vulgaris	Kerteminde	10/0/0	0			
Stormmåge	Larus canus / Larus ridibundus	Møn, Vadehavet, Odense fjord, Kerteminde	201/370/74	0/10/2	0	0	2xH2N3

		Skælskør, Masnedø,					
Strandskade	Haematopus ostralegus	Esbjerg	0/100/20	0/5/1	0	0	
Svartbag	Larus marinus	Ringkøbing	0/95/19	0/5/1	0/5/1	0	
Svømmeand	"Dabbling duck"	Ringkøbing	1/15/3	0			
Troldand	Aythya fuligula	Odense Fjord	3/0/0	0			
Tårnfalk	Falco tinnunculus	Fyn	17/0/0	0			
Vibe	Vanellus vanellus	Vadehavet, Skive Fjord	80/100/20	0			
I alt			2307/3205/641	25/160/31	6/15/3	0	4

\*Antal fugle undersøgt individuelt / antal fugle undersøgt i pools / antal pools. Alle prøver er gødningsprøver.  
Alle fund af H5 og H7 var LPAI, bortset fra fund i én pool fra sølvmåger indsamlet ved Glænø.



**Bilag 5. Døde fugle i den passive AI overvågning 2006.**

Døde fugle i den passive AI overvågning 2006						
Lokalitet	Art	Latin	Antal prøver/fugle	AI PCR positiv	H5 PCR positive*	H7 PCR positiv
Denmark	Allike	Corvus monedula	4	0		
Denmark	And	Unspecified duck	2	0		
Denmark	Blishøne	Fulica atra	27	0		
Denmark	Bramgås	Branta leucopsis	1	0		
Denmark	Drossel	Unspecified thrush	9	0		
Denmark	Due	Unspecified dove	1	0		
Denmark	Duehøg	Accipiter gentilis	15	0		
Denmark	Dværgfalk	Falco columbarius	1	0		
Denmark	Ederfugl	Somateria mollissima	107	0		
Denmark	Fasan	Phasianus colchicus	10	0		
Denmark	Fiskehejre	Ardea cinerea	24	0		
Denmark	Fjeldvåge	Buteo lagopus	14	1	1	
Denmark	Fjordterne	Sterna hirundo	8	0		
Denmark	Stor flagspætte	Dendrocopos major	1	0		
Denmark	Gravand	Tadorna tadorna	1	0		
Denmark	Gråand	Anas platyrhynchos	58	0		
Denmark	Grågås	Anser anser	4	1	1	
Denmark	Stor gråsisken	Carduelis flammea	1	0		
Denmark	Havlit	Clangula hyemalis	1	0		
Denmark	Sølvmåge	Larus argentatus	41	0		
Denmark	Havterne	Sterna paradisaea	1	0		
Denmark	Havørn	Haliaeetus albicilla	1	0		
Denmark	Hejre	Unspecified heron	4	0		
Denmark	Stor hornugle	Bubo bubo	2	0		
Denmark	Husskade	Pica pica	28	1	1	
Denmark	Hvinand	Bucephala clangula	1	0		
Denmark	Hættemåge	Larus ridibundus	23	0		
Denmark	Islom	Gavia immer	1	0		
Denmark	Kirkeugle	Athene noctua	1	0		
Denmark	Knopsvane	Cygnus olor	74	4	4	
Denmark	Kongeørn	Aquila chrysaetos	1	0		
Denmark	Sortkrage	Corvus corone	12	0		
Denmark	Krikand	Anas crecca	1	0		
Denmark	Lærke	Unspecified lark	1	0		
Denmark	Misteldrossel	Turdus viscivorus	2	0		
Denmark	Mosehornugle	Asio flammeus	2	0		
Denmark	Musvåge	Buteo buteo	223	6	6	
Denmark	Måge sp.	Unspecified gull	30	0		
Denmark	Natugle	Strix aluco	1	0		
Denmark	Pibesvane	Cygnus columbianus	1	0		
Denmark	Ravn	Corvus corax	2	0		
Denmark	Rød glente	Milvus milvus	2	0		
Denmark	Råge	Corvus frugilegus	12	0		
Denmark	Sangdrossel	Turdus philomelos	3	0		
Denmark	Sangsvane	Cygnus cygnus	17	3	3	
Denmark	Sildemåge	Larus fuscus	2	0		
Denmark	Silkehale	Bombicilla garrulus	13	0		
Denmark	Sjagger	Turdus pilaris	3	0		
Denmark	Skallesluger	Mergus ?	3	0		
Denmark	Skarv	Phalacrocorax carbo	40	0		
Denmark	Skovhornugle	Asio otus	2	0		
Denmark	Skovsneppe	Scopolax rusticola	9	0		

Denmark	Slørugle	Tyto alba	4	0		
Denmark	Solsort	Turdus merula	18	0		
Denmark	Sortand	Melanitta nigra	6	0		
Denmark	Spurvehøg	Accipiter nisus	133	0		
Denmark	Strandskade	Haematopus ostralegus	1	0		
Denmark	Stær	Sturnus vulgaris	1	0		
Denmark	Svane	Unspecified swan	104	0		
Denmark	Toppet lappedykker	Podiceps cristatus	2	1	1	
Denmark	Taffeland	Aythya ferina	1	0		
Denmark	Terne	Unspecified tern	6	0		
Denmark	Troldand	Aythya fuligula	39	26	26	
Denmark	Tyrkerdue	Streptopelia decaocto	1	0		
Denmark	Tårnfalk	Falco tinnunculus	22	0		
Denmark	Ugle	Unspecified owl	1	0		
Denmark	Vandrefalk	Falco peregrinus	1	1	1	
Denmark	Vibe	Vanellus vanellus	2	0		
I alt			1190	44	44	

\*alle H5 positive prøver var HP H5. Få af disse er isoleret ved VI.

**Bilag 6. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2007.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2007									
Kvartal	Kategori	Prøvetype	Lokalitet	Art(er)	Antal fugle	AI PCR positiv	H5 PCR positiv	H7 PCR positiv	AI virus
	Nedlagt	K+S		And	44	5	1	0	
	Nedlagt	K+S		Fasan	624	5	0	0	
	Nedlagt	K+S		Gråand	90	20	3	0	
1	Levende	K+S	Falster	Blåmejse	2	0			
1	Levende	K+S	Falster	Grønirisk	2	0			
1	Levende	K+S	Falster	Knopsvane	5	5	0	1	H7N1
1	Levende	K+S	Falster	Musvit	3	0			
1	Levende	K+S	Falster	Skovspurv	9	0			
1	Levende	K+S	Falster	Solsort	2	0			
1	Levende	K+S	Falster	Sumpmejse	3	0			
1	Levende	G	Harboøre	Hættemåge	35	0			
1	Levende	G	Harboøre Tange	Stormmåge	70	0			
1	Levende	G	Harboøre Tange	Svartbag	10	0			
1	Levende	K+S	KBH og omegn	Hættemåge	24	4	0	0	0
1	Levende	K+S	KBH og omegn	Stormmåge	29	0			
1	Levende	K+S	KBH og omegn	Sølvmåge	28	22	0	0	0
1	Levende	G	Nees, Nissum Fjord	Sangsvane	100	0			
1	Levende	G	Thorsminde	Sølvmåge	100	0			H11N2
1	Levende	G	Thyborøn Havn	Svartbag	60	0			H11N9
1	Levende	G	Vinderup	Hættemåge	75	0			H11N2
1	Levende	K+S	Århus omegn	Gråspurv	3	0			
1	Levende	K+S	Århus omegn	Musvit	10	0			
1	Levende	K+S	Århus omegn	Solsort	5	0			
2	Levende	G	Ballum Sluse	Bramgås	148	0			
2	Levende	G	Ballum Sluse	Pibeand	100	0			
2	Levende	G	Langeland	Grågås	50	0			
2	Levende	G	Langeland	Skarv	60	0			
2	Levende	G	Siø	Hættemåge	115	0			
3	Levende	G	Geddal Enge	Gråand	23	0			H14N5
3	Levende	G	Geddal Enge	Krikand	33	0			H3N6, H3N8
3	Levende	G	Geddal Enge	Pibeand	3	0			
3	Levende	G	Geddal Enge	Skarv	8	0			
3	Levende	G	Margrethe Kog	Grågås	120	0			
3	Levende	G	Skive Fjord	Hættemåge	17	0			
3	Levende	G	Skive Fjord	Vibe	15	0			
3	Levende	G	Vidåslusen	Gråand	70	0			H10N3
3	Levende	G	Vidåslusen	Krikand	30	0			
4	Levende	K+S	Fanø	Gærdesmutte	22	0			
4	Levende	K+S	Fanø	Rødhals	1	0			
4	Levende	K+S	Fanø	Solsort	3	0			
4	Levende	K+S	Als	Slørugle, Tytoalba	3	0			
4	Levende	G	Bogø Inddæmning	Sangsvane	125	0			
4	Levende	G	Bogø Inddæmning	Sædgås	125	0			
4	Levende	K+S	Djursland	Ederfugl	4	0			
4	Levende	K+S	, Djursland	Fløjlsand	5	0			
4	Levende	K+S	Djursland	Sortand	2	0			
4	Levende	K+S	Ebeltoft Vig	Ederfugl	2	0			
4	Levende	K+S	Ebeltoft Vig	Fløjlsand	13	0			
4	Levende	K+S	Ebeltoft Vig	Sortand	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Blåmejse	2	0			
4	Levende	K+S	Falster	Bogfinke	2	0			
4	Levende	K+S	Falster	Dompap	1	0			

4	Levende	K+S	Falster	Grønirisk	86	0			
4	Levende	K+S	Falster	Grønsikken	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Gråand	6	0			
4	Levende	K+S	Falster	Gråspurv	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Gærdesmutte	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Knopsvane	9	0			
4	Levende	K+S	Falster	Kværkerfinke	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Lille Gråsiken	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Musvit	18	0			
4	Levende	K+S	Falster	Rødhals	14	1	0	0	
4	Levende	K+S	Falster	Sjagger	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Skovspurv	36	0			
4	Levende	K+S	Falster	Slørugle, Tytoalba	1	0			
4	Levende	K+S	Falster	Solsort	16	0			
4	Levende	K+S	Falster	Spurvehøg	7	2	0	0	
4	Levende	K+S	Falster	Tårnfalk	1	0			
4	Levende	K+S	Ml. Langeland og SØ-Fyn	Ederfugl	13	0			
4	Levende	K+S	Ml. Langeland og SØ-Fyn	Fløjsand	5	0			
4	Levende	K+S	Ml. Langeland og SØ-Fyn	Havlit	2	0			
4	Levende	K+S	Ml. Langeland og SØ-Fyn	Sortand	2	0			
4	Levende	G	Næstved	Blisgås	5	0			
4	Levende	G	Næstved	Canadagås	9	0			
4	Levende	G	Havnø, Mariager Fjord	Lysbuget knortegås	124	0			
4	Levende	G	Havnø, Mariager Fjord	Pibeand	39	0			
4	Levende	G	Hegnede, Møn	Spidsand	23	0			
4	Levende	G	Helberskov, Mariager Fjord	Canadagås	130	0			
4	Levende	K+S	Helnæs, Fyn	Ederfugl	21	0			
4	Levende	K+S	Jegindø, Kås Bredning	Toppet skallesluger	1	0			
4	Levende	K+S	KBH og omegn	Gråand	4	0			
4	Levende	K+S	KBH og omegn	Hættemåge	1	0			
4	Levende	K+S	KBH og omegn	Knopsvane	1	0			
4	Levende	K+S	KBH og omegn	Stormmåge	8	0			
4	Levende	K+S	KBH og omegn	Sølvmåge	3	0			
4	Levende	G	Lille Vildmose	Sangsvane	110	0			
4	Levende	G	Lille Vildmose	Sædgås	125	0			
4	Levende	G	Mandø	Bramgås	125	0			
4	Levende	G	Mandø	Mørkbuget knortegås	125	0			
4	Levende	G	Margrethe Kog	Hjejle	81	0			
4	Levende	G	Margrethe Kog	Pibeand	130	0			
4	Levende	G	Margrethe Kog	Vibe	103	0			
4	Levende	K+S	Nakskov	Knopsvane	11	0			
4	Levende	G	Møn	Pibeand	15	0			
4	Levende	G	Møn	Gråand	130	0			2xH4N6
4	Levende	G	Møn	Krikand	18	0			
4	Levende	G	Møn	Pibeand	4	0			
4	Levende	G	Møn	Bramgås	125	0			
4	Levende	K+S	Nysted	Gråand	4	0			
4	Levende	G	Skjern Enge	Gråand	11	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Grønirisk	3	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Musvåge	1	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Rødhals	2	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Råge	1	0			

4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Sangdrossel	2	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Sjagger	1	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Skovspurv	1	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Solsort	6	0			
4	Levende	K+S	Skælskør omegn	Tyrkerdue	3	0			
4	Levende	K+S	Svendborg	Blåmejse	3	0			
4	Levende	K+S	Svendborg	Musvit	6	0			
4	Levende	K+S	Svendborg	Spætmejse	2	0			
4	Levende	K+S	Tinglev	Slørugle, Tytoalba	5	0			
4	Levende	G	Tipperne, Fuglepolde	Gråand	10	0			
4	Levende	G	Tipperne, Fuglepolde	Krikand	125	0			H3N8 H6N2
4	Levende	G	Tårs, Tårs Vig	Canadagås	101	0			
4	Levende	G	Vadehavet	Bjergand	1	0			
4	Levende	K+S	Vadehavet	Ederfugl	57	0			
4	Levende	K+S	Vadehavet	Havlit	1	0			
4	Levende	K+S	Vadehavet	Sortand	2	0			
4	Levende	G	Ægholm Sand, Nyord	Canadagås	5	0			
4	Levende	G	Ægholm Sand, Nyord	Gråand	118	0			H6N1
4	Levende	G	Ægholm Sand, Nyord	Knopsvane	100	0			
4	Levende	G	Ægholm Sand, Nyord	Skarv	29	0			
4	Levende	G	Ægholm Sand, Nyord	Spidsand	1	0			
4	Levende	K+S	Åskov, Nyborg	Dompap	1	0			
4	Levende	K+S	Åskov, Nyborg	Musvit	9	0			
4	Levende	K+S	Åskov, Nyborg	Rødhals	1	0			
4	Levende	K+S	Åskov, Nyborg	Solsort	6	0			
4	Levende	K+S	Åskov, Nyborg	Sumpmejse	1	0			
I alt, fugle					4748	64	4	1	13

G=gødningsprøve, K=kloaksvaberprøve, S=svælgsvaberprøve.

Alle fund af H5 og H7 er LPAI.

**Bilag 7. Døde fugle i den passive AI overvågning 2007.**

Døde fugle i den passive AI overvågning 2007						
Kvartal	Antal fugle	Kommune	Art	Latin	Indsamler	Resultat
1	1	Albertslund	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Allerød	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	2	Bornholm	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	2	Bornholm	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Dragør	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	LP - Andre
1	2	Dragør	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	2	Faxe	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Faxe	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Fredensborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	2	Frederikssund	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Frederikssund	Skovspurv	Passer montanus	BRS	0
1	2	Frederiksværk-Hundested	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Furesø	Solsort	Turdus merula	BRS	0
1	2	Faaborg-Midtfyn	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Faaborg-Midtfyn	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Faaborg-Midtfyn	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Faaborg-Midtfyn	Troldand	Aythya fuligula	BRS	0
1	1	Guldborgsund	Grågåse	Anser anser	BRS	0
1	6	Guldborgsund	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Helsingør	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
1	2	Helsingør	Skarv	Phalacrocorax carbo	BRS	0
1	2	Herning	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	2	Herning	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Hjørring	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Ikast-Brande	Tårnfalk	Falco tinnunculus	BRS	0
1	2	Kalundborg	Sølvåge	Larus argentatus	BRS	0
1	1	Kolding	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Lejre	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Lejre	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	5	Lolland	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Ikke registreret	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	7	Næstved	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Næstved	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Næstved	Svane		BRS	0
1	1	Odsherred	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Ringsted	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	6	Slagelse	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Slagelse	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Stevns	Fjordterne	Sterna hirundo	BRS	0
1	1	Stevns	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	13	Stevns	Ringdue	Columba palumbus	BRS	0
1	1	Stevns	Svane		BRS	0
1	1	Svendborg	Fjeldvåge	Buteo lagopus	BRS	0
1	3	Svendborg	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Svendborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Sønderborg	Ederfugl	Somateria mollissima	BRS	0
1	1	Sønderborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Tønder	Svartbag	Larus marinus	BRS	0
1	1	Tønder	Sølvåge	Larus argentatus	BRS	0
1	2	Tårnby	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Tårnby	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Vejen	Fjeldvåge	Buteo lagopus	BRS	0
1	11	Vordingborg	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0

1	1	Vordingborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	3	Vordingborg	Svane		BRS	0
1	2	Aabenraa	Solsort	Turdus merula	BRS	0
1	1	Aabenraa	Stor Hornugle	Bubo bubo	BRS	0
2	2	Assens	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
2	1	Ballerup	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
2	1	Frederikssund	Skovhornugle	Asio otus	BRS	0
2	4	Gladsaxe	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
2	1	Haderslev	Grågås	Anser anser	BRS	0
2	1	Haderslev	Ælling		BRS	0
2	1	Hedensted	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
2	5	København	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
2	1	Lolland	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
2	1	Nordfyn	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
2	1	Nordfyn	Klippe due / Tam due	Columba livia	BRS	0
2	1	Nordfyn	Ringdue	Columba palumbus	BRS	0
2	2	Odense	Stormmåge	Larus canus	BRS	0
2	1	Ringkøbing-Skjern	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	0
2	1	Roskilde	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
2	6	Silkeborg	Huskeade	Pica pica	BRS	0
2	3	Tårnby	Ederfugl	Somateria mollissima	BRS	0
2	1	Vejle	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
2	1	Vejle	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
2	1	Århus	Skarv	Phalacrocorax carbo	BRS	0
2	1	Århus	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	0
3	1	Dragør	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
3	2	Frederiksværk- Hundested	Alk	Alca torda	BRS	0
3	1	Frederiksværk- Hundested	Alk	Alca torda	BRS	0
3	2	Faaborg-Midtfyn	Kragefugl sp.	Corvus sp.	BRS	0
3	3	Faaborg-Midtfyn	Råge	Corvus frugilegus	BRS	0
3	1	Guldborgsund	Skarv	Phalacrocorax carbo	BRS	0
3	1	Helsingør	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
3	1	København	Blishøne	Fulica atra	BRS	0
3	5	København	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
3	1	Køge	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
3	1	Lolland	Ederfugl	Somateria mollissima	BRS	0
3	1	Lolland	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
3	1	Odder	Fasan	Phasianus colchicus	BRS	0
3	1	Sorø	Gråkrage	Corvus corone cornix	BRS	0
3	1	Viborg	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
4	4	Frederikshavn	Alk	Alca torda	BRS	0
4	1	Frederikshavn	Ederfugl	Somateria mollissima	BRS	0
4	1	Gribskov	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
4	3	Holbæk	Alk	Alca torda	BRS	0
4	3	Lolland	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
4	1	Odder	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
4	4	Slagelse	Blishøne	Fulica atra	BRS	0
4	1	Slagelse	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
4	1	Slagelse	Stormmåge	Larus canus	BRS	0
4	1	Viborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
I alt	196					1 LPAI

BRS=Beredskabsstyrelsen.

**Bilag 8. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2008.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2008									
Kvartal	Kategori	Lokalitet	Art	Latin	Antal fugle	AI PCR positiv	H5 PCR positiv	H7 PCR positiv	AI virus VI
3	Nedlagt	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
3	Nedlagt	Tønder	Grågås	Anser anser	4	0			
3	Nedlagt	Tønder	Knarand	Anas strepera	2	0			
3	Nedlagt	Tønder	Pibeand	Anas penelope	3	0			
4	Nedlagt	Dragør	Ringdue	Columba palumbus	8	0			
4	Nedlagt	Dragør	Skovsneppe	Scolopax rusticola	2	0			
4	Nedlagt	Guldborgsund	Fasan	Phasianus colchicus	3	0			
4	Nedlagt	Guldborgsund	Gråand	Anas platyrhynchos	237	34	1	0	H1N2
4	Nedlagt	Guldborgsund	Grågås	Anser anser	3	1	0	0	
4	Nedlagt	Hørsholm	Gråand	Anas platyrhynchos	8	0			
4	Nedlagt	Næstved	Fasan	Phasianus colchicus	5	0			
4	Nedlagt	Næstved	Gråand	Anas platyrhynchos	35	3	1	1	
4	Nedlagt	Næstved	Grågås	Anser anser	7	2	0	0	
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Gråand	Anas platyrhynchos	10	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Krikand	Anas crecca	3	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Pibeand	Anas penelope	5	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Skovsneppe	Scolopax rusticola	3	0			
4	Nedlagt	Svendborg	Råge	Corvus frugilegus	2	0			
4	Nedlagt	Tønder	Blisgås	Anser albifrons	2	0			
4	Nedlagt	Tønder	Canadagås	Branta canadensis	2	0			
4	Nedlagt	Tønder	Grågås	Anser anser	10	0			
4	Nedlagt	Tønder	Krikand	Anas crecca	3	0			
4	Nedlagt	Tønder	Pibeand	Anas penelope	39	1	0	0	
4	Nedlagt	Tønder	Skeand	Anas clypeata	1	0			
4	Nedlagt	Varde	Gråand	Anas platyrhynchos	12	0			
4	Nedlagt	Varde	Gråkrage	Corvus corone cornix	3	0			
4	Nedlagt	Varde	Krikand	Anas crecca	16	0			
4	Nedlagt	Varde	Pibeand	Anas penelope	15	2	0	0	
4	Nedlagt	Varde	Spidsand	Anas acuta	2	0			
4	Nedlagt	Vordingborg	Ederfugl	Somateria mollissima	2	0			
4	Nedlagt	Vordingborg	Gråand	Anas platyrhynchos	27	2	0	2	H7N1
4	Nedlagt	Vordingborg	Grågås	Anser anser	1	0			
4	Nedlagt	Vordingborg	Krikand	Anas crecca	12	1	0	0	
4	Nedlagt	Vordingborg	Pibeand	Anas penelope	19	3	0	0	
4	Nedlagt	Vordingborg	Skeand	Anas clypeata	3	0			
4	Nedlagt	Vordingborg	Spidsand	Anas acuta	25	0			
3	Levende	Tønder	Almindelig Ryle	Calidris alpina	2	0			
3	Levende	Tønder	Atlingand	Anas querquedula	1	0			
3	Levende	Tønder	Brushane	Philomachus pugnax	4	0			
3	Levende	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
3	Levende	Tønder	Krikand	Anas crecca	22	5	1	0	
4	Levende	Brøndby	Knopsvane	Cygnus olor	25	0			
4	Levende	Esbjerg	Fasan	Phasianus colchicus	3	0			
4	Levende	Esbjerg	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
4	Levende	Fredensborg	Gråand	Anas platyrhynchos	5	0			



4	Levende	Fredensborg	Hættemåge	Larus ridibundus	4	1	0	0	
4	Levende	Fredensborg	Stormmåge	Larus canus	66	0			
4	Levende	Gentofte	Blishøne	Fulica atra	10	0			
4	Levende	Gentofte	Gråand	Anas platyrhynchos	13	1	0	0	
4	Levende	Guldborgsund	Knopsvane	Cygnus olor	3	0			
4	Levende	Guldborgsund	Perleugle	Aegolius funereus	9	0			
4	Levende	Guldborgsund	Sandløber	Calidris alba	1	0			
4	Levende	Guldborgsund	Skovhornugle	Asio otus	9	0			
4	Levende	Guldborgsund	Spurvehøg	Accipiter nisus	21	0			
4	Levende	Guldborgsund	Stor Præstekrave	Charadrius hiaticula	1	0			
4	Levende	Guldborgsund	Strandhøjle	Pluvialis squatarola	1	0			
4	Levende	Guldborgsund	Tårnfalk	Falco tinnunculus	1	0			
4	Levende	Helsingør	Bramgås	Branta leucopsis	1	0			
4	Levende	Helsingør	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Hillerød	Hættemåge	Larus ridibundus	59	0			
4	Levende	Hillerød	Stormmåge	Larus canus	17	0			
4	Levende	Hørsholm	Gråand	Anas platyrhynchos	3	0			
4	Levende	København	Blishøne	Fulica atra	7	0			
4	Levende	København	Gråand	Anas platyrhynchos	36	1	0	0	
4	Levende	København	Grågås	Anser anser	4	0			
4	Levende	København	Hættemåge	Larus ridibundus	22	0			
4	Levende	København	Knopsvane	Cygnus olor	50	2	1	0	
4	Levende	København	Ringdue	Columba palumbus	2	0			
4	Levende	København	Sølvmåge	Larus argentatus	7	0			
4	Levende	København	Troldand	Aythya fuligula	3	0			
4	Levende	Lolland	Grønbenet Rørhøne	Gallinula chloropus	2	1	0	0	
4	Levende	Lolland	Gråand	Anas platyrhynchos	13	0			
4	Levende	Lolland	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Lyngby-Taarbæk	Gråand	Anas platyrhynchos	5	0			
4	Levende	Lyngby-Taarbæk	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Nyborg	Blåmejse	Parus caeruleus	1	0			
4	Levende	Nyborg	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Nyborg	Musvit	Parus major	2	0			
4	Levende	Næstved	Gråand	Anas platyrhynchos	6	0			
4	Levende	Næstved	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Odense	Blishøne	Fulica atra	2	0			
4	Levende	Odense	Gråand	Anas platyrhynchos	7	0			
4	Levende	Ringkøbing- Skjern	Gråand	Anas platyrhynchos	13	1	0	0	
4	Levende	Ringkøbing- Skjern	Krikand	Anas crecca	3	0			
4	Levende	Rudersdal	Gråand	Anas platyrhynchos	7	0			
4	Levende	Rudersdal	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Slagelse	Gråand	Anas platyrhynchos	3	1	1	0	
4	Levende	Slagelse	Musvåge	Buteo buteo	2	0			
4	Levende	Svendborg	Allike	Corvus monedula	1	0			
4	Levende	Tønder	Agerhøne	Perdix perdix	3	0			
4	Levende	Tønder	Almindelig Ryle	Calidris alpina	1	0			
4	Levende	Tønder	Dobbelt- bekkasin	Gallinago gallinago	6	0			
4	Levende	Tønder	Gravand	Tadorna tadorna	5	0			
4	Levende	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	17	1	0	0	H11N9
4	Levende	Tønder	Mose- hornugle	Asio flammeus	1	0			
4	Levende	Tønder	Knarand	Anas strepera	4	0			
4	Levende	Tønder	Krikand	Anas crecca	21	3	1	0	H12N5
4	Levende	Tønder	Pibeand	Anas penelope	4	0			
4	Levende	Tønder	Skovsneppe	Scolopax rusticola	36	0			

4	Levende	Tønder	Spidsand	Anas acuta	2	0			
4	Levende	Varde	Allike	Corvus monedula	1	0			
4	Levende	Varde	Musvåge	Buteo buteo	2	0			
4	Levende	Varde	Skovsneppe	Scolopax rusticola	23	0			
4	Levende	Varde	Slørugle	Tyto alba	9	0			
4	Levende	Varde	Strandskade	Haematopus ostralegus	1	0			
4	Levende	Varde	Thorshane	Phalaropus fulicaria	1	0			
4	Levende	Vejle	Gråand	Anas platyrhynchos	4	0			
4	Levende	Vejle	Hættemåge	Larus ridibundus	1	0			
4	Levende	Vordingborg	Gråand	Anas platyrhynchos	7	0			
4	Levende	Vordingborg	Grågås	Anser anser	1	0			
4	Levende	Vordingborg	Spidsand	Anas acuta	1	0			
I alt, fugle					1173	66	6	3	4

Alle fund af H5 og H7 er LPAI.

**Bilag 9. Døde fugle i den passive AI overvågning 2008.**

Døde fugle i den passive AI overvågning 2008						
Kvartal	Antal fugle	Kommune	Art	Latin	Indsamler	Resultat
1	1	Albertslund	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Assens	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Faxe	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Frederikssund	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Furesø	Stormmåge	Larus canus	BRS	0
1	1	Faaborg-Midtfyn	Natugle	Strix aluco	BRS	0
1	1	Guldborgsund	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
1	2	Guldborgsund	Skarv	Phalacrocorax carbo	BRS	0
1	1	Holbæk	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Kolding	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Kolding	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Lolland	Skarv	Phalacrocorax carbo	BRS	0
1	1	Lyngby-Taarbæk	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Næstved	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
1	1	Odder	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Odense	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	2	Svendborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Varde	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Varde	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Vejle	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Vesthimmerland	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Vordingborg	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
1	1	Vordingborg	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	0
1	1	Århus	Råge	Corvus frugilegus	BRS	0
2	3	Bornholm	-And		BRS	0
2	1	Fredensborg	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
2	1	Furesø	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
2	1	Faaborg-Midtfyn	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
2	1	Høje-Taastrup	Ringdue	Columba palumbus	BRS	0
2	6	Kerteminde	Ederfugl	Somateria mollissima	BRS	0
2	2	Kerteminde	Strandskade	Haematopus ostralegus	BRS	0
2	1	Odsherred	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
2	1	Rudersdal	-And		BRS	0
2	1	Rudersdal	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
2	1	Silkeborg	Husskade	Pica pica	BRS	0
2	2	Vallensbæk	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	0
2	1	Vejle	Natugle	Strix aluco	BRS	0
3	2	Ballerup	Grågås	Anser anser	BRS	0
3	2	Ballerup	Husskade	Pica pica	BRS	0
3	1	Billund	Natugle	Strix aluco	BRS	0
3	3	Esbjerg	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
3	1	Esbjerg	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	0
3	1	Gribskov	Duehøg	Accipiter gentilis	BRS	0
3	1	Guldborgsund	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
3	1	Kolding	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
3	1	København	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
4	1	Dragør	Musvåge	Buteo buteo	ZM	0
4	1	Greve	Sølvmåge	Larus argentatus	ZM	0
4	5	Kalundborg	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	0
4	1	Nyborg	Sølvmåge	Larus argentatus	ZM	0
4	2	Slagelse	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
4	2	Viborg	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
I alt, fugle	73					0

BRS=Beredskabsstyrelsen, ZM=Zoologisk Museum, nu Statens Naturhistoriske Museum (SNM).

**Bilag 10. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2009.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2009									
Kvartal	Kategori	Lokalitet	Art	Latin	Antal fugle	AI PCR positiv	H5 PCR positiv	H7 PCR positiv	AI virus VI
3	Nedlagt	Ikke registreret	Gråand	Anas platyrhynchos	5	0			
3	Nedlagt		Krikand	Anas crecca	28	10	2	0	H3N2 H3N8 H1N1S
4	Nedlagt		Gråand	Anas platyrhynchos	3	0			
4	Nedlagt		Krikand	Anas crecca	5	1	0		
4	Nedlagt		Pibeand	Anas penelope	4	0			
4	Nedlagt		Spidsand	Anas acuta	3	0			
4	Nedlagt	Esbjerg	Gråand	Anas platyrhynchos	5	0			
4	Nedlagt	Esbjerg	Gråkrage	Corvus corone cornix	1	0			
4	Nedlagt	Esbjerg	Krikand	Anas crecca	7	1	0	0	
4	Nedlagt	Esbjerg	Pibeand	Anas penelope	13	2	0	0	
4	Nedlagt	Esbjerg	Spidsand	Anas acuta	1	1	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Favrskov	Fasan	Phasianus colchicus	5	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Favrskov	Gråand	Anas platyrhynchos	11	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Faxe	Fasan	Phasianus colchicus	23	1	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Faxe	Gråand	Anas platyrhynchos	34	3	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Guldborgsund	Fasan	Phasianus colchicus	12	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Guldborgsund	Gråand	Anas platyrhynchos	258	30	6	0	H3N8
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Guldborgsund	Krikand	Anas crecca	4	0			
4	Nedlagt	Guldborgsund	Pibeand	Anas penelope	5	0			
4	Nedlagt	Holstebro	Krikand	Anas crecca	9	3	0	0	
4	Nedlagt	Holstebro	Pibeand	Anas penelope	4	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Kalundborg	Gråand	Anas platyrhynchos	96	7	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Kerteminde	Gråand	Anas platyrhynchos	9	1	1	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Lejre	Fasan	Phasianus colchicus	25	1	0	0	H6N1S
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Lejre	Gråand	Anas platyrhynchos	9	1	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Lolland	Gråand	Anas platyrhynchos	36	4	1	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Middelfart	Gråand	Anas platyrhynchos	10	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Nordfyn	Gråand	Anas platyrhynchos	45	2	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Nyborg	Gråand	Anas platyrhynchos	9	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Næstved	Fasan	Phasianus colchicus	33	1	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Næstved	Gråand	Anas platyrhynchos	45	6	0	0	
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Blishøne	Fulica atra	1	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Gråand	Anas platyrhynchos	16	1	0	1	H7N2
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Grågås	Anser anser	7	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Knarand	Anas strepera	1	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Krikand	Anas crecca	23	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Pibeand	Anas penelope	15	1	0	0	
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Skeand	Anas clypeata	5	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Skovsneppe	Scolopax rusticola	1	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Spidsand	Anas acuta	4	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Taffeland	Aythya ferina	1	0			
4	Nedlagt	Ringkøbing-Skjern	Troldand	Aythya fuligula	5	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Ringsted	Gråand	Anas platyrhynchos	33	4	0	0	
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Slagelse	Fasan	Phasianus colchicus	25	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Slagelse	Gråand	Anas platyrhynchos	56	9	0	0	
4	Nedlagt	Svendborg	Gråand	Anas platyrhynchos	6	0			
4	Nedlagt	Svendborg	Krikand	Anas crecca	3	0			
4	Nedlagt	Svendborg	Pibeand	Anas penelope	2	0			
4	Nedlagt	Syddjurs	Gråand	Anas platyrhynchos	6	1	0	0	
4	Nedlagt	Tønder	Blisgås	Anser albifrons	21	0			
4	Nedlagt	Tønder	Dobbeltbekkasin	Gallinago gallinago	1	0			

4	Nedlagt	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	3	1	0	0	
4	Nedlagt	Tønder	Krikand	Anas crecca	2	0			
4	Nedlagt	Varde	Gråand	Anas platyrhynchos	4	0			
4	Nedlagt	Varde	Kravetrappe	Chlamydotis undulata	1	0			
4	Nedlagt	Varde	Krikand	Anas crecca	20	2	0	0	
4	Nedlagt	Varde	Pibeand	Anas penelope	3	0			
4	Nedlagt	Viborg	Gråand	Anas platyrhynchos	1	1	0	0	
4	Nedlagt	Vordingborg	Blisgås	Anser albifrons	1	0			
4	Nedlagt	Vordingborg	Canadagås	Branta canadensis	3	0			
4	Nedlagt <sup>v</sup>	Vordingborg	Gråand	Anas platyrhynchos	31	1	0	0	
4	Nedlagt	Vordingborg	Pibeand	Anas penelope	10	0			
4	Nedlagt	Vordingborg	Spidsand	Anas acuta	1	0			
4	Nedlagt	Aabenraa	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
1	Levende	Nyborg	Blishøne	Fulica atra	1	0			
1	Levende	Nyborg	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0			
1	Levende	Nyborg	Hættemåge	Larus ridibundus	19	0			
1	Levende	Nyborg	Stormmåge	Larus canus	3	0			
1	Levende	Nyborg	Sølvmåge	Larus argentatus	4	0			
1	Levende	Odense	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0			
2	Levende		Skarv	Phalacrocorax carbo	81	4	0	0	
3	Levende		Gråand	Anas platyrhynchos	4	0			
3	Levende		Knopsvane	Cygnus olor	2	0			
3	Levende		Krikand	Anas crecca	5	2	0	0	H3N8
3	Levende		Spidsand	Anas acuta	2	0			
3	Levende	Albertslund	Knopsvane	Cygnus olor	2	0			
3	Levende	Egedal	Knopsvane	Cygnus olor	3	0			
3	Levende	Fredensborg	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
3	Levende	Gentofte	Gråand	Anas platyrhynchos	6	2	0	0	
3	Levende	Gentofte	Knopsvane	Cygnus olor	17	0			
3	Levende	Hillerød	Gråand	Anas platyrhynchos	6	1	0	0	
3	Levende	Høje-Taastrup	Knopsvane	Cygnus olor	5	0			
3	Levende	Hørsholm	Klippedue / Tamdue	Columba livia	1	0			
3	Levende	Hørsholm	Knopsvane	Cygnus olor	7	0			
3	Levende	Ishøj	Knopsvane	Cygnus olor	5	0			
3	Levende	Kalundborg	Almindelig Ryle	Calidris alpina	77	0			
3	Levende	Kalundborg	Rødben	Tringa totanus	1	0			
3	Levende	København	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
3	Levende	København	Grågås	Anser anser	1	0			
3	Levende	København	Knopsvane	Cygnus olor	48	0			
3	Levende	Odense	Allike	Corvus monedula	1	0			
3	Levende	Rudersdal	Knopsvane	Cygnus olor	7	0			
3	Levende	Slagelse	Råge	Corvus frugilegus	17	0			
3	Levende	Vallensbæk	Knopsvane	Cygnus olor	7	0			
4	Levende	Brøndby	Knopsvane	Cygnus olor	4	0			
4	Levende	Fredensborg	Gråand	Anas platyrhynchos	10	0			
4	Levende	Fredensborg	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Frederikssund	Ringdue	Columba palumbus	2	0			
4	Levende	Frederiksværk-Hundested	Gråand	Anas platyrhynchos	10	0			
4	Levende	Gentofte	Blishøne	Fulica atra	1	0			
4	Levende	Gentofte	Gråand	Anas platyrhynchos	7	0			
4	Levende	Gentofte	Knopsvane	Cygnus olor	2	0			
4	Levende	Gentofte	Stormmåge	Larus canus	2	0			
4	Levende	Gentofte	Troldand	Aythya fuligula	1	0			
4	Levende	Hillerød	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
4	Levende	Hillerød	Hættemåge	Larus ridibundus	13	0			
4	Levende	Hillerød	Stormmåge	Larus canus	5	0			

4	Levende	Horsens	Alm. Ryle	Calidris alpina	5	0			
4	Levende	Horsens	Ederfugl	Somateria mollissima	1	0			
4	Levende	Horsens	Skarv	Phalacrocorax carbo	1	0			
4	Levende	Horsens	Stenvender	Arenaria interpres	6	0			
4	Levende	Horsens	Strandskade	Haematopus ostralegus	4	0			
4	Levende	Horsens	Svartbag	Larus marinus	4	0			
4	Levende	Horsens	Sølvmåge	Larus argentatus	4	0			
4	Levende	Horsens	Toppet Skallesluger	Mergus serrator	1	0			
4	Levende	Hørsholm	Knopsvane	Cygnus olor	3	0			
4	Levende	Ishøj	Blishøne	Fulica atra	2	0			
4	Levende	Ishøj	Gråand	Anas platyrhynchos	11	0			
4	Levende	Kerteminde	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
4	Levende	Kerteminde	Hjejle	Pluvialis apricaria	1	0			
4	Levende	Kerteminde	Pibeand	Anas penelope	1	0			
4	Levende	Kerteminde	Strandhjejle	Pluvialis squatarola	1	0			
4	Levende	Kerteminde	Strandskade	Haematopus ostralegus	1	0			
4	Levende	København	Blishøne	Fulica atra	3	0			
4	Levende	København	Gråand	Anas platyrhynchos	11	1	0	0	
4	Levende	København	Knopsvane	Cygnus olor	15	0			
4	Levende	København	Stormmåge	Larus canus	2	0			
4	Levende	København	Sølvmåge	Larus argentatus	3	0			
4	Levende	Lyngby-Taarbæk	Hættemåge	Larus ridibundus	8	0			
4	Levende	Lyngby-Taarbæk	Stormmåge	Larus canus	22	1	0	0	
4	Levende	Lyngby-Taarbæk	Sølvmåge	Larus argentatus	5	0			
4	Levende	Nyborg	Dobbelt-bekkasin	Gallinago gallinago	1	0			
4	Levende	Nyborg	Hættemåge	Larus ridibundus	27	0			
4	Levende	Nyborg	Slørugle	Tyto alba	4	0			
4	Levende	Nyborg	Stormmåge	Larus canus	12	0			
4	Levende	Nyborg	Sølvmåge	Larus argentatus	5	0			
4	Levende	Næstved	Knopsvane	Cygnus olor	1	0			
4	Levende	Odense	Allike	Corvus monedula	2	0			
4	Levende	Odense	Hættemåge	Larus ridibundus	5	0			
4	Levende	Odense	Råge	Corvus frugilegus	6	0			
4	Levende	Odense	Stormmåge	Larus canus	5	0			
4	Levende	Odense	Sølvmåge	Larus argentatus	9	0			
4	Levende	Ringkøbing-Skjern	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
4	Levende	Ringkøbing-Skjern	Krikand	Anas crecca	33	1	1	0	
4	Levende	Ringkøbing-Skjern	Pibeand	Anas penelope	3	0			
4	Levende	Ringkøbing-Skjern	Spidsand	Anas acuta	1	0			
4	Levende	Rudersdal	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0			
4	Levende	Struer	Sølvmåge	Larus argentatus	2	0			
4	Levende	Thisted	Stormmåge	Larus canus	28	0			
4	Levende	Thisted	Sølvmåge	Larus argentatus	17	0			
4	Levende	Tønder	Gravand	Tadorna tadorna	34	3	0	0	
4	Levende	Tønder	Grønbenet Rørhøne	Gallinula chloropus	1	0			
4	Levende	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	192	9	0	2	2xH6N2 H7N1 H7N2
4	Levende	Tønder	Knarand	Anas strepera	41	3	0	0	
4	Levende	Tønder	Krikand	Anas crecca	180	27	4	0	3xH6N2
4	Levende	Tønder	Pibeand	Anas penelope	1	0			
4	Levende	Tønder	Skovsneppe	Scolopax rusticola	1	0			
4	Levende	Tønder	Spidsand	Anas acuta	30	0			
4	Levende	Tårnby	Knopsvane	Cygnus olor	4	0			
4	Levende	Varde	Skovsneppe	Scolopax rusticola	21	0			
4	Levende	Varde	Slørugle	Tyto alba	3	0			

4	Levende	Vordingborg	Gråand	Anas platyrhynchos	11	0			
4	Levende	Vordingborg	Krikand	Anas crecca	2	1	0	0	
4	Levende	Vordingborg	Pibeand	Anas penelope	4	0			
4	Levende	Aabenraa	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0			
4	Levende	Aabenraa	Krikand	Anas crecca	4	0			
I alt, fugle					2277	151	15	3	14

Nedlagt<sup>v</sup> angiver nedlagt vildt hvor prøver er udtaget på vildthåndteringsvirksomhed.

Alle fund af H5 og H7 er LPAI.

**Bilag 11. Døde fugle i den passive AI overvågning 2009.**

Døde fugle i den passive AI overvågning 2009						
Kvartal	Antal fugle	Kommune	Art	Latin	Indsamler	AI PCR positiv
1	2	Billund	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	0
1	1	Bornholm	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Fanø	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	2	Faxe	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Guldborgsund	Blisshøne	Fulica atra	BRS	0
1	2	Guldborgsund	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	0
1	1	Guldborgsund	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	0
1	4	Guldborgsund	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	H7
1	1	Guldborgsund	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Hedensted	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	3	Herlev	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
1	1	Herlev	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
1	2	Herlev	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	København	Blisshøne	Fulica atra	BRS	0
1	1	København	Gråand	Anas platyrhynchos	BRS	0
1	2	København	Grågåse	Anser anser	BRS	0
1	5	København	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	København	Troldand	Aythya fuligula	BRS	0
1	1	Køge	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	0
1	1	Langeland	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Lejre	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	2	Lejre	Stormmåge	Larus canus	BRS	0
1	3	Lejre	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	0
1	1	Lolland	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Næstved	Natugle	Strix aluco	BRS	0
1	4	Rudersdal	Ederfugl	Somateria mollissima	BRS	0
1	2	Skanderborg	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Stevns	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
1	1	Syddjurs	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	4	Vordingborg	Musvåge	Buteo buteo	BRS	0
1	1	Aabenraa	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
1	1	Aalborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
2	1	Kolding	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	0
2	1	København	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	0
2	1	Randers	Tårnfalk	Falco tinnunculus	BRS	0
2	1	Vallensbæk	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	0
3	20	Esbjerg	Hættemåge	Larus ridibundus	BRS	0
4	1	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	DMU	0
4	1	Tønder	Knarand	Anas strepera	DMU	0
4	1	Tønder	Krikand	Anas crecca	DMU	0
4	1	Tønder	Pibeand	Anas penelope	DMU	0
I alt	83					1 LPAI H7*

\*H7 virus er subtyperet med PCR, virus kunne ikke isoleres.



**Bilag 12. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2010.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2010									
Kvartal	Kategori	Antal fugle	Kommune	Art	Latin	AI PCR positiv	H5 PCR positiv	H7 PCR positiv	AI virus VI
3	Nedlagt	6	Holstebro	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0	0	
3	Nedlagt	20	Holstebro	Krikand	Anas crecca	4	1	0	
3	Nedlagt	2	Holstebro	Pibeand	Anas penelope	1	1	0	
3	Nedlagt	16	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	6	1	0	
3	Nedlagt	12	Tønder	Grågås	Anser anser	0			
3	Nedlagt	3	Tønder	Knarand	Anas strepera	0			
3	Nedlagt	1	Tønder	Krikand	Anas crecca	1	1	0	
4	Nedlagt	35	Egedal	Gråand	Anas platyrhynchos	3	0	0	
4	Nedlagt	23	Esbjerg	Gråand	Anas platyrhynchos	3	0	0	
4	Nedlagt	4	Esbjerg	Krikand	Anas crecca	1	0	0	
4	Nedlagt	18	Faxe	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0	0	
4	Nedlagt	22	Frederikssund	Gråand	Anas platyrhynchos	3	0	0	
4	Nedlagt	1	Frederikssund	Grågås	Anser anser	0			
4	Nedlagt	116	Guldborgsund	Gråand	Anas platyrhynchos	9	1	0	
4	Nedlagt	2	Holstebro	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0	0	
4	Nedlagt	31	Holstebro	Krikand	Anas crecca	5	1	0	
4	Nedlagt	9	Holstebro	Pibeand	Anas penelope	0			
4	Nedlagt	57	Kerteminde	Gråand	Anas platyrhynchos	3	0	0	
4	Nedlagt	38	Køge	Gråand	Anas platyrhynchos	6	0	0	
4	Nedlagt	68	Lejre	Gråand	Anas platyrhynchos	7	0	0	
4	Nedlagt	6	Lemvig	Gråand	Anas platyrhynchos	1	1	0	
4	Nedlagt	16	Lemvig	Krikand	Anas crecca	1	0	0	
4	Nedlagt	4	mangler	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0	0	
4	Nedlagt	72	Næstved	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0	0	
4	Nedlagt	3	Næstved	Krikand	Anas crecca	0			
4	Nedlagt	32	Slagelse	Gråand	Anas platyrhynchos	5	0	0	
4	Nedlagt	54	Sorø	Gråand	Anas platyrhynchos	9	0	0	
4	Nedlagt	5	Svendborg	Gråand	Anas platyrhynchos	1	0	0	
4	Nedlagt	3	Svendborg	Krikand	Anas crecca	0			
4	Nedlagt	2	Svendborg	Pibeand	Anas penelope	0			
4	Nedlagt	1	Svendborg	Troldand	Aythya fuligula	0			
4	Nedlagt	26	Tønder	Blisgås	Anser albifrons	1	0	0	
4	Nedlagt	1	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	0			
4	Nedlagt	39	Tønder	Grågås	Anser anser	1	1	0	
4	Nedlagt	2	Tønder	Knarand	Anas strepera	0			
4	Nedlagt	6	Tønder	Krikand	Anas crecca	1	0	0	
4	Nedlagt	4	Tønder	Pibeand	Anas penelope	0			
4	Nedlagt	1	Tønder	Skeand	Anas clypeata	0			
4	Nedlagt	1	Tønder	Spidsand	Anas acuta	0			
4	Nedlagt	2	Varde	Gråand	Anas platyrhynchos	1	1		H6N2
4	Nedlagt	19	Varde	Krikand	Anas crecca	2	1	0	
4	Nedlagt	2	Varde	Pibeand	Anas penelope	0			
4	Nedlagt	2	Varde	Spidsand	Anas acuta	0			
4	Nedlagt	45	Vesthimmerland	Gråand	Anas platyrhynchos	7	2	0	
4	Nedlagt	137	Vordingborg	Gråand	Anas platyrhynchos	27	13	0	
3	Levende	3	Albertslund	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	4	Ballerup	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	8	Furesø	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	6	Gentofte	Knopsvane	Cygnus olor	1	0	0	
3	Levende	2	Gladsaxe	Knopsvane	Cygnus olor				
3	Levende	2	Greve	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	3	Høje-Taastrup	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	3	Hørsholm	Gråand	Anas platyrhynchos	0			

3	Levende	6	Ishøj	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	1	København	Canadagås	Branta canadensis	0			
3	Levende	38	København	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	2	Lyngby-Taarbæk	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	1	Rudersdal	Knopsvane	Cygnus olor	0			
3	Levende	2	Tønder	Atlingand	Anas querquedula	0			
3	Levende	14	Tønder	Blishøne	Fulica atra	1	0	0	
3	Levende	1	Tønder	Brushane	Philomachus pugnax	0			
3	Levende	2	Tønder	Grønbenet Rørhøne	Gallinula chloropus	0			
3	Levende	78	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	37	11	1	H6N2
3	Levende	1	Tønder	Grågås	Anser anser				
3	Levende	7	Tønder	Knarand	Anas strepera	0			
3	Levende	30	Tønder	Krikand	Anas crecca	6	3	0	
3	Levende	7	Tønder	Pibeand	Anas penelope	0			
3	Levende	1	Tønder	Spidsand	Anas acuta	1	0	0	
4	Levende	1	Esbjerg	Råge	Corvus frugilegus	0			
4	Levende	20	Esbjerg	Stormmåge	Larus canus	0			
4	Levende	1	Esbjerg	Sølvmåge	Larus argentatus				
4	Levende	1	Fredensborg	Sorthovedet Måge	Larus melanocephalus	0			
4	Levende	2	Faaborg-Midtfyn	Vandstær	Cinclus cinclus	0			
4	Levende	2	Gentofte	Gråand	Anas platyrhynchos	0			
4	Levende	2	Gentofte	Hættemåge	Larus ridibundus	0			
4	Levende	5	Hillerød	Blishøne	Fulica atra	0			
4	Levende	30	Hillerød	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0	0	
4	Levende	2	Hørsholm	Gråand	Anas platyrhynchos	1	1	0	
4	Levende	1	Kalundborg	Almindelig Ryle	Calidris alpina	0			
4	Levende	3	Kalundborg	Svartbag	Larus marinus	0			
4	Levende	12	Kalundborg	Sølvmåge	Larus argentatus	0			
4	Levende	1	København	Blishøne	Fulica atra	0			
4	Levende	55	København	Gråand	Anas platyrhynchos	0			
4	Levende	101	København	Hættemåge	Larus ridibundus	2	0	0	
4	Levende	1	København	Knopsvane	Cygnus olor	0			
4	Levende	33	København	Stormmåge	Larus canus	0			
4	Levende	28	København	Sølvmåge	Larus argentatus	2	0	0	
4	Levende	1	Nyborg	Gråand	Anas platyrhynchos	0			
4	Levende	4	Nyborg	Hættemåge	Larus ridibundus	0			
4	Levende	3	Nyborg	Knopsvane	Cygnus olor	0			
4	Levende	11	Nyborg	Stormmåge	Larus canus	0			
4	Levende	7	Nyborg	Sølvmåge	Larus argentatus	0			
4	Levende	4	Odense	Stormmåge	Larus canus	0			
4	Levende	14	Odense	Sølvmåge	Larus argentatus	0			
4	Levende	2	Roskilde	Blishøne	Fulica atra	0			
4	Levende	2	Roskilde	Bramgås	Branta leucopsis	0			
4	Levende	6	Roskilde	Gråand	Anas platyrhynchos	0			
4	Levende	16	Rudersdal	Gråand	Anas platyrhynchos	2	0	0	
4	Levende	4	Slagelse	Almindelig Ryle	Calidris alpina	0			
4	Levende	1	Slagelse	Canadagås	Branta canadensis	0			
4	Levende	1	Slagelse	Grågås	Anser anser	0			
4	Levende	1	Slagelse	Krikand	Anas crecca	0			
4	Levende	1	Slagelse	Sortgrå Ryle	Calidris maritima	0			
4	Levende	82	Thisted	Stormmåge	Larus canus	0			
4	Levende	7	Thisted	Sølvmåge	Larus argentatus	0			
4	Levende	15	Tønder	Blishøne	Fulica atra	1	0	0	
4	Levende	12	Tønder	Gravand	Tadorna tadorna	1	0	0	
4	Levende	1	Tønder	Grønbenet Rørhøne	Gallinula chloropus	0			

4	Levende	204	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	36	5	0	2xH6N2
4	Levende	61	Tønder	Knarand	Anas strepera	0			
4	Levende	88	Tønder	Krikand	Anas crecca	10	2	0	
4	Levende	1	Tønder	Lille Lappedykker	Tachybaptus ruficollis	0			
4	Levende	1	Tønder	Pibeand	Anas penelope	0			
4	Levende	1	Tønder	Skeand	Anas clypeata	0			
4	Levende	90	Tønder	Spidsand	Anas acuta	7	0	0	
4	Levende	3	Tønder	Troldand	Aythya fuligula	0			
I alt, fugle		2136				226	47	1	4
I alt, prøver		4272				237	51	1	4

Alle fund af H5 og H7 er LPAI. Subtyper på virusisolater er konfirmeret med sekventering af HA og NA generne.

**Bilag 13. Døde fugle i den passive AI overvågning 2010.**

Døde fugle i den passive AI overvågning 2010						
Kvartal	Antal fugle	Kommune	Art	Latin	Indsamler	Resultat
1	2	Frederikssund	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	4	Frederiksværk-Hundested	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	1	Guldborgsund	Blishøne	Fulica atra	BRS	Negativ
1	1	Guldborgsund	Fiskehejre	Ardea cinerea	BRS	Negativ
1	3	Guldborgsund	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	1	Guldborgsund	Skarv	Phalacrocorax carbo	BRS	Negativ
1	3	Kalundborg	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	5	Langeland	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	4	Lolland	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	1	Lolland	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Ikke H5/H7
1	1	Middelfart	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	6	Næstved	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	6	Slagelse	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	1	Slagelse	Musvåge	Buteo buteo	BRS	Negativ
1	1	Svendborg	Spurvehøg	Accipiter nisus	BRS	Ikke H5/H7
1	1	Sønderborg	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
3	3	Frederikshavn	Sildemåge	Larus fuscus	BRS	Negativ
3	1	Frederikshavn	Sølvmåge	Larus argentatus	BRS	Negativ
4	8	Jammerbugt	Grågås	Anser anser	BRS	Negativ
4	1	Tønder	Gråand	Anas platyrhynchos	DMU	H3 N2 isoleret
4	1	Tønder	Knarand	Anas strepera	DMU	Negativ
4	1	Tønder	Spidsand	Anas acuta	DMU	Negativ
I alt	56					3 PCR positive, heraf 1 isoleret

BRS=beredskabsstyrelsen, DMU=Danmarks Miljøundersøgelser, nu DCE – Nationalt Center for Miljø og Energi, AU.

**Bilag 14. Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2011.**

Levende og nedlagte vilde fugle i den aktive AI overvågning 2011									
Kvartal	Lokalitet	kategori	Art	Antal prøver (pools)	Antal fugle	Influenza positive prøver	Fugle i positive prøver	H5 pos	AI virus VI
3	KBH og omegn	Levende	knopsvane	26	69	0	0	0	0
3	Nordsjælland	Levende	knopsvane	10	38	0	0	0	0
3	Sydvestjylland	Levende	gråand	1	3	1	3	0	0
4	Falster	Levende	grønbenet Rørhøne	1	1	0	0	0	0
4	Falster	Nedlagt	gråand	10	50	7	35	0	0
4	Falster	Nedlagt	krikand	3	13	1	3	0	0
4	Falster	Levende	sølvmåge	1	1	0	0	0	0
4	KBH og omegn	Levende	blishøne	1	1	0	0	0	0
4	KBH og omegn	Levende	grønbenet Rørhøne	1	1	0	0	0	0
4	KBH og omegn	Levende	gråand	13	45	0	0	0	0
4	KBH og omegn	Levende	hættemåge	11	41	2	10	0	H13N6
4	KBH og omegn	Levende	knopsvane	15	27	1	3	1	0
4	KBH og omegn	Levende	stormmåge	6	23	2	8	0	0
4	KBH og omegn	Levende	svartbag	1	1	0	0		
4	KBH og omegn	Levende	sølvmåge	10	18	1	3	0	0
4	KBH og omegn	Levende	troidand	1	2	0			
4	Lolland	Nedlagt	gråand	26	130	15	75	9	H3N8
4	Nordsjælland	Levende	allike	1	1	0	0	0	0
4	Nordsjælland	Levende	hættemåge	20	94	0	0	0	0
4	Nordsjælland	Levende	stormmåge	1	4	0	0	0	0
4	Nordsjælland	Levende	svartbag	1	4	0	0	0	0
4	Nordsjælland	Levende	sølvmåge	1	1	0	0	0	0
4	Næstvedegnen	Nedlagt	gråand	16	80	9	45	5	H5N2 H10N1 H10N6
4	Odense og omegn	Levende	gråand	2	2	0	0	0	0
4	Odense og omegn	Nedlagt	gråand	11	55	9	45	0	H4N6 H10N6
4	Odense og omegn	Levende	hættemåge	4	5	0	0	0	0
4	Odense og omegn	Levende	stormmåge	1	1	1	1	0	0
4	Odense og omegn	Levende	sølvmåge	1	1	0	0	0	0
4	Sydfyn	Levende	gråand	7	16	0	0	0	0
4	Sydfyn	Levende	knopsvane	1	2	0	0	0	0
4	Sydfyn	Levende	krikand	1	1	0	0	0	0
4	Sydfyn	Levende	pibeand	2	7	2	7	0	0
4	Sydfyn	Levende	troidand	1	1	0	0	0	0
4	Sydsjælland	Nedlagt	gråand	24	119	14	69	5	H4N6
4	Sydvestjylland	Levende	gråand	18	53	5	13	0	0
4	Sydvestjylland	Levende	krikand	16	61	9	33	1	H6N2
4	Sydvestjylland	Levende	pibeand	7	14	1	2	0	0
4	Sydvestjylland	Levende	skovsneppe	6	11	0	0	0	0
4	Sydvestjylland	Levende	spidsand	1	2	0	0	0	0
4	Sydvestjylland	Levende	sædgås	1	1	0	0	0	0
4	Sydvestsjælland	Nedlagt	gråand	52	260	19	95	7	2xH4N6
total				333	1260	99	450	28	11

Subtyperne er verificeret ved sekventering i 2012.

**Bilag 15. Døde fugle i den passive AI overvågning 2011.**

Døde fugle i den passive AI overvågning 2011						
Kvartal	Antal fugle	Lokalitet	Art	Latin	Indsamler	resultat
1	2	Herning	Musvåge	Buteo buteo	BRS	Negativ
1	1	Holbæk	Musvåge	Buteo buteo	BRS	Negativ
1	1	Kolding	Musvåge	Buteo buteo	BRS	Negativ
1	2	København	Gråand	Anas platyrhynchos	FVR	Negativ
1	4	København	Knopsvane	Cygnus olor	BRS	Negativ
1	1	Køge	Musvåge	Buteo buteo	FVR	Negativ
2	1	Skanderborg	Musvåge	Buteo buteo	FVR	Negativ
2	1	Varde	Stormmåge	Larus canus	VET	Negativ
2	4	Varde	Sølvmåge	Larus argentatus	VET	Negativ
3	1	Kolding	Gråand	Anas platyrhynchos		Negativ
3	1	Vejle	Stormmåge	Larus canus		H16N3
4	2	Assens	Grønirisk	Carduelis chloris	VET	Negativ
4	1	Assens	Musvit	Parus major	VET	Negativ
4	1	Hillerød	Havørn	Haliaeetus albicilla	VET	Negativ
4	1	Lejre	Spurvehøg	Accipiter nisus	VET	Negativ
4	4	Ringkøbing-Skjern	Agerhøne	Perdix perdix	VET	Negativ
4	1	Syddjurs	Musvåge	Buteo buteo	VET	Negativ
4	3	Vordingborg	Sangdrossel	Turdus philomelos	VET	Negativ
4	1	Aabenraa	Nilgås	Alopochen aegyptiacus	VET	Negativ
I alt	33					1 positiv isoleret

BRS=beredskabsstyrelsen, VET=faldvildt indsendt til Veterinærinstituttet, NS=Naturstyrelsen, FVR=Fødevarerregion.

H16N3 subtypen er konfirmeret ved sekventering af HA og NA fra virus isoleret med VI.

**Bilag 16. Samlet oversigt over prøveudtagning 2003-2011**

Samlet oversigt over prøveudtagning fra den passive overvågning 2003-2011									
Årstal	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Døde fugle	-	-	-	1190	196	73	83	56	33
AI RT-PCR positive prøver	-	-	-	44	1	0	1	3	1
LPAI H5 positive fugle	-	-	-	0	0	0	0	0	0
LPAI H7 positive fugle	-	-	-	0	0	0	1	0	0
HPAI H5	-	-	-	44	0	0	0	0	0
HPAI H7	-	-	-	0	0	0	0	0	0
VI positive	-	-	-	0	0	0	0	1	1
% VI af PCR positive	-	-	-	0	0	0	0	0	100
% VI af total antal prøver	-	-	-	0	0	0	0	1,8	3,0
% PCR positive af total antal prøver	-	-	-	3,7	0,5	0	1,2	5,4	3,0
% H5 positive af total antal prøver	-	-	-	3,7	0	0	0	0	0
% H7 positive af total antal prøver	-	-	-	0	0	0	1,2	0	0

Samlet oversigt over prøveudtagning fra den aktive overvågning 2003-2011									
Årstal	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Nedlagt fjervildt prøver	-	47 <sup>K,F</sup> 96 <sup>K,P1</sup>	289 <sup>K,P1</sup>	2307 <sup>U,F</sup> 641 <sup>U,P1</sup>	758 <sup>KS</sup>	535 <sup>K og S</sup>	1070 <sup>K og S</sup>	969 <sup>K og S</sup>	142 <sup>K,P2</sup>
Levende fugle prøver	579 <sup>G,P1</sup>	618 <sup>G,P1</sup>	268 <sup>G,P1</sup>	3990 <sup>KS/G</sup>	638 <sup>K og S</sup>	1207 <sup>K og S</sup>	1167 <sup>K og S</sup>		191 <sup>K,P2</sup>
Antal fugle i alt	2895	3617	2785	5512*	4748	1173	2277	2136	1260
Antal prøver totalt	579 <sup>P1</sup>	761 <sup>P1/F</sup>	557 <sup>P1</sup>	2948 <sup>P1/F</sup>	4748 <sup>F</sup>	2346 <sup>F2</sup>	4554 <sup>F2</sup>	4272 <sup>F2</sup>	333 <sup>P2</sup>
AI RT-PCR positive prøver	34	151	181	25 <sup>F</sup> 31 <sup>P1</sup> I alt 56	64	70 (66fugle)	151	237 (226 fugle)	99 (ca.450 fugle)
LPAI H5 positive	4	13	23	6 <sup>F</sup> 38 <sup>P1</sup> I alt 44	4	6	15	51 (47 fugle)	28
LPAI H7 positive	2	0	2	0	1	3	4	1	0
VI positive	15	15	16	4	13	4	14	4	11
% PCR positive af total antal prøver	5,9	19,8	32,5	1,9	1,3	5,6	6,6	10,6	29,7
% VI af PCR positive	44	9,9	8,8	7,1	20,3	5,7	9,3	1,7	11,1
% VI af total antal prøver	2,6	2,0	2,9	0,1	0,3	0,3	0,6	0,2	3,3
% H5 positive af total antal prøver	0,7	1,7	4,1	1,5	0,1	0,5	0,7	2,2	8,4
% H7 positive af total antal prøver	0,3	0	0,4	0	0,02	0,3	0,2	0,05	0

G: gødningsprøve, K: Kloaksvaber, S: svælgsvaber, KS: Kloak – og svælgssvaber poolet som én prøve, P1: pools á 5 prøver, P2: Pools á op til 5 prøver, F: individuelle fugleprøver, F2: 2 prøver per fugl, U: prøvemateriale ej udspecificeret.

\*Heraf 1007 fugle ekstraordinært undersøgt i forbindelse med H5N1 udbrud.

## Bilag 17. Subtyper af virusisolater fra overvågningen af vilde fugle

Subtyper af virusisolater fra overvågningen af vilde fugle																				
	2002		2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		2010		2011	
	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art	subtyper	art
H1			H1N1	Grå- /pibeand			2xH1N1 H1N3	Gråand Gråand					H1N2	Gråand	H1N1	Krikan d				
H2	H2N3	gråand			2xH2N3	And			2xH2N3	Storm- måge										
H3			2xH3N2 H3N6 3xH3N8	Grå- /pibeand	H3N2 H3N8	And	4xH3N8	Gråand			H3N6 2xH3N8	Krikand Krikand			H3N2 2xH3N8 H3N8	Krikan d Krikan d Gråand	*H3N2	Gråand	H3N8	Gråand
H4			5xH4N6	Grå- /pibeand		And	3xH4N6	Gråand			2xH4N6	Gråand							4xH4N6	Gråand
H5			H5N7	Gråandebe sætning	2xH5N2	And	H5N3	Gråand											H5N2	Gråand
H6			H6N5 H6N8	Grågås Grå- /pibeand	H6N2	And					H6N1 H6N2	Gråand Krikand			H6N1 2xH6N2 3xH6N2	Fasan Gråand Krikan d	4xH6N2	Gråand	H6N2	Krikand
H7							H7N5 H7N7	Gråand Gråand			H7N1	Knop- svane	H7N1	Gråand	H7N1 2xH7N2	Gråand Gråand				
H8					H8N1 H8N4	And And														
H9							H9N1	Gråand												
H10			H10N7	Grå- /pibeand							H10N3	Gråand							H10N1 2xH10N 6	Gråand Gråand
H11							H11N9 H11N9	Gråand And			H11N2 H11N2 H11N9	Sølvmåge Hættemåg e Svartbag	H11N9	Gråand						
H12													H12N5	Krikand						
H13					H13N8	Miljø			H13N6	Sølvmåg e									H13N6	Hætte- måge
H14									H14N5	Sølvmåg e	H14N5	Gråand								
H15																				
H16	H16N3 H16N3	Måge skarv																	*H16N3	Storm- måge

\*døde fugle i den passive overvågning



## Bilag 18. Fuldgenomsekventering af AI virus.

BLAST analyse af gensekvenser fra danske AI virusisolater der viser de 5 bedste hits. Blanke linier er indsat hvor der ikke er opnået sekvens, der kunne analyseres. BLAST analysen er udført mod sekvenser i Genbank september 2012.

2006-53-130-1	Gene	Hit	Accession no.	Description	A/duck/Denmark/53130-26-30c/2006(H5N3)	Hit length	% Identity
2036 bp	PB2 segment 1 2341 bp	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY077031	Influenza A virus (A/northern shoveler/Netherlands/1/2006(H8N4)) segment 1, complete sequence		2.036,00	99
			FJ803176	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/S90597/2005(H7N7)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, partial cds		2.036,00	99
			CY122146	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/9/2003(H2N7)) polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.036,00	99
			CY060273	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/41/2002(H10N6)) segment 1 sequence		2.036,00	98
		2	CY122066	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/113/2002(H2N1)) polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.036,00	98
						Hit length	%Identity
			Hit	Description			
			CY122098	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/57/2002(H2N3)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		1.939,00	99
			CY031034	Influenza A virus (A/duck/Italy/4609/2003(H7N2)) segment 2, complete sequence		1.939,00	99
1939 bp	segment 2 2341 bp	3	CY021515	Influenza A virus (A/quail/Italy/4610/2003(H7N2)) segment 2, complete sequence		1.939,00	98
			GU052874	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/49/2002(H5N9)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		1.939,00	98
				Influenza A virus (A/mallard/Sweden/99/2002(H2N3)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		1.939,00	97
			CY122029			Hit length	%Identity
FL	PA segment 3 2233 bp	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY060423	Influenza A virus (A/northern pintail/Sweden/1/2003(H2N3)) segment 3 sequence		2.208,00	99
			CY122104	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/70/2002(H2N3)) polymerase PA (PA) gene, complete cds		2.208,00	99
			CY064797	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/55/2002(H11N2)) segment 3 sequence		2.206,00	99
			CY122112	Influenza A virus (A/northern pintail/Sweden/1/2003(H2N3)) polymerase PA (PA) gene, complete cds		2.192,00	99
FL	HA segment 4 1778 bp	2	CY046157	Influenza A virus (A/mallard/France/06964/2006(H5N3)) segment 3 sequence		2.192,00	99
						Hit length	%Identity
			Hit	Description			
			CY076929	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/74/2003(H5N2)) segment 4, complete sequence		1.731,00	98
			AY684894	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/3/99(H5N2)) hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.744,00	97
		3	HE802063	Influenza A virus (A/mallard/Denmark/64650/2003(H5N7)) viral cRNA for haemagglutinin (HA gene), segment 4, genomic RNA		1.744,00	97
			AJ971298	Influenza A virus (A/duck/France/05054a/2005(H5N3)) HA gene for hemagglutinin, genomic RNA		1.706,00	97
			CY022637	Influenza A virus (A/teal/Italy/3931-38/2005(H5N2)) segment 4, complete sequence		1.725,00	97
						Hit length	%Identity
FL	NP segment 5 1565 bp	1	DQ251452	Influenza A virus (A/duck/Denmark/65047/04(H5N2)) nucleoprotein (NP) gene, complete cds		1.497,00	99
			FJ803195	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/100993/2008(H7N7)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.503,00	99
			CY060359	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/65/2002(H10N9)) segment 5 sequence		1.512,00	99
			CY060269	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/3/2002(H1N2)) segment 5 sequence		1.520,00	98
			CY046143	Influenza A virus (A/mallard/France/061054/2006(H5N3)) segment 5 sequence		1.520,00	98
FL	NA segment 6 1413 bp	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY041332	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/45/2005(H2N3)) segment 6, complete sequence		1.437,00	99
			CY076939	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/65/2006(H5N3)) segment 6, complete sequence		1.426,00	99
			CY046160	Influenza A virus (A/mallard/France/06964/2006(H5N3)) segment 6 sequence		1.426,00	99
			CY121919	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/88/2005(mixed)) neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.424,00	99
		2	CY121908	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/58/2005(mixed)) neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.424,00	99
						Hit length	%Identity
			Hit	Description			
			CY060297	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/48/2002(H11N9)) segment 7 sequence		995	100
				Influenza A virus (A/mallard/Sweden/57/2002(H2N3)) matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		989	100
FL	M segment 7 1027 bp	3	CY122092	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/46/2002(H4N3)) segment 7 sequence		998	99
			CY060290	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/45/2002(H11N8)) segment 7 sequence		994	99
			CY060284	Influenza A virus (A/mallard/MT/Y61(H2N2)) matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		989	99
			CY116844			Hit length	%Identity
FL	NS segment 8 890 bp	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY060223	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/12/2001(H4N2)) segment 8 sequence		880	99
			CY005787	Influenza A virus (A/turkey/Italy/3620/1999(H7N1)) segment 8, complete sequence		890	98
			CY043868	Influenza A virus (A/gadwall/Netherlands/1/2006(H9N2)) segment 8, complete sequence		876	99
			CY005792	Influenza A virus (A/turkey/Italy/4169/1999(H7N1)) segment 8, complete sequence		890	98
		2	CY015123	Influenza A virus (A/turkey/England/50-92/1991(H5N1)) segment 8, complete sequence		890	98

2009-58-37	Gene	Hit	Accesssion no.	Description	A/mallard/Denmark/5837-6w/2009(H3N8)	Hit length	% Identity
FL	PB2 segment 1 2341 bp	1					
		2					
		3					
		4					
		5					
	PB1 segment 2 2341 bp	1	Hit CY060292	Description Influenza A virus (A/mallard/Sweden/48/2002(H11N9)) segment 2 sequence Influenza A virus (A/Anas crecca/Spain/1460/2008(H7N9)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		Hit length 2.295,00	%Identity 99
		2	HQ244405	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/100993/2008(H7N7)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.295,00	99
		3	FJ803192	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/8/2003(H8N4)) segment 2 sequence		2.295,00	99
		4	CY060402	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/13577-24K/2010(H3N8)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.295,00	99
		5	JF789608			2.295,00	99
	PA segment 3 2233 bp	1					
		2					
		3					
		4					
		5					
FL	HA segment 4 1778 bp	1	Hit CY060343	Description Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/5/2001(H3N6)) segment 4 sequence		Hit length 1.764,00	%Identity 98
		2	CY060185	Influenza A virus (A/common teal/Sweden/1/2003(H3N3)) segment 4 sequence		1.764,00	98
		3	JF682614	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/14516/2007(H3N8)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.731,00	98
		4	JF789610	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/13577-24K/2010(H3N8)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.731,00	98
		5	CY006015	Influenza A virus (A/Duck/Nanchang/8-174/2000(H3N6)) segment 4, complete sequence		1.764,00	97
FL	NP segment 5 1565 bp	1	Hit CY043851	Description Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/1/2006(H8N4)) segment 5, complete sequence		Hit length 1.537,00	%Identity 99
		2	CY041261	Influenza A virus (A/common teal/Netherlands/1/2005(H8N4)) segment 5, complete sequence		1.529,00	99
		3	CY060269	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/3/2002(H1N2)) segment 5 sequence		1.545,00	99
		4	CY060359	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/65/2002(H10N9)) segment 5 sequence		1.537,00	99
		5	CY077059	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/42/2006(H11N9)) segment 5, complete sequence		1.529,00	98
972 bp	NA segment 6 1413 bp	1	Hit FN773071	Description Influenza A virus (A/Teal/Norway/10_1575/2007(H3N8)) partial viral cRNA for neuraminidase (NA gene)		Hit length 972,00	%Identity 99
		2	FN773076	Influenza A virus (A/Teal/Norway/10_1745/2007(H4N8)) partial viral cRNA for neuraminidase (NA gene)		918,00	99
		3	CY060283	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/45/2002(H11N8)) segment 6 sequence		972,00	98
		4	EF041489	Influenza A virus (A/duck/South Africa/1108/2004(H3N8)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, partial cds		972,00	98
		5	AY531032	Influenza A virus (A/Mallard/65112/03(H3N8)) neuraminidase (NA) gene, complete cds		972,00	98
FL	M segment 7 1027 bp	1	Hit CY076946	Description Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/02/2000(H10N7)) segment 7, complete sequence		Hit length 1.002,00	%Identity 99
		2	GU052185	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/02/2000(H10N7)) segment 7 matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds Influenza A Virus (A/goose/Czech Republic/1848-K9/2009(H7N9)) segment 7 matrix protein 2 (M2) gene, partial cds; and matrix protein 1 (M1) gene, complete cds >gi 307141874 gb HQ244418.1  Influenza A Virus (A/goose/Czech Republic/1848-T14/2009(H7N9)) segment 7 matrix protein 2 (M2) gene, partial cds; and matrix protein 1 (M1) gene, complete cds		1.002,00	99
		3	GQ404575			991,00	100
		4	CY043881	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/17/2007(H11N8)) segment 7, complete sequence		982,00	100
		5	GQ227555	Influenza A virus (A/duck/Altai/1285/1991(H5N3)) segment 7 matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		1.002,00	99
FL	NS segment 8 890 bp	1	Hit CY043868	Description Influenza A virus (A/gadwall/Netherlands/1/2006(H9N2)) segment 8, complete sequence		Hit length 876	%Identity 99
		2	CY041398	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/71/2006(H6N2)) segment 8, complete sequence		855	99
		3	CY060223	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/12/2001(H4N2)) segment 8 sequence		880	98
		4	CY005787	Influenza A virus (A/turkey/Italy/3620/1999(H7N1)) segment 8, complete sequence		890	98
		5	CY005792	Influenza A virus (A/turkey/Italy/4169/1999(H7N1)) segment 8, complete sequence		890	98

2009-58-42	Gene	Hit	Accession no.	Description	A/pheasant/Denmark/5842-28w/2009(H6N1)	Hit length	% Identity
FL	PB2 segment 1	1	Hit CY122315	Description Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/1/2010(H2N3)) polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/13577-24K/2010(H3N8)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.280,00	99
	2341 bp	2	JF789607	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 1 sequence		2.280,00	99
		3	CY049769	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P6 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.278,00	98
		4	GQ325652	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P2 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.280,00	98
		5	GQ325636	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P2 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.280,00	98
	PB1 segment 2	1	Hit JQ737211	Description Influenza A Virus (A/mallard/Czech Republic/14333-1K/2011(H3N8)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.309,00	100
	2341 bp	2	CY121933	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/58112/2006(H2N2)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.309,00	99
		3	FJ432784	Influenza A virus (A/goose/Italy/296426/2003(H1N1)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.308,00	99
		4	CY122274	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/37/2008(H2N3)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.309,00	99
		5	CY122282	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/58/2008(H2N3)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.309,00	99
1658 bp	PA segment 3	1	Hit JF789617	Description Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/13579-84K/2010(H4N6)) segment 3 polymerase PA (PA) gene, complete cds		1.658,00	99
	2233 bp	2	CY049771	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 3 sequence		1.658,00	98
		3	AB300228	Influenza A virus (A/duck/Hokkaido/447/2000(H5N3)) PA gene for polymerase acidic protein, partial cds		1.658,00	97
		4	CY060240	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/1/1999(H4N6)) segment 3 sequence		1.658,00	97
		5	CY049755	Influenza A virus (A/gadwall/Altai/1202/2007(H5N2)) segment 3 sequence		1.658,00	97
1720 bp	HA segment 4	1	Hit EU152237	Description Influenza A virus (A/gull/Moscow/3100/2006(H6N2)) hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.729,00	99
	1778 bp	2	CY060198	Influenza A virus (A/greyllag goose/Netherlands/4/1999(H6N1)) segment 4 sequence		1.705,00	97
		3	AY684892	Influenza A virus (A/black-headed gull/Netherlands/1/2005(H6N5)) hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.738,00	96
		4	CY060431	Influenza A virus (A/whitefronted goose/Netherlands/1/1999(H6N1)) segment 4 sequence		1.701,00	97
		5	CY060316	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/52/2003(H6N2)) segment 4 sequence		1.720,00	96
1180 bp	NP segment 5	1	Hit JQ737214	Description Influenza A Virus (A/mallard/Czech Republic/14333-1K/2011(H3N8)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.183,00	99
	1565 bp	2	CY041373	Influenza A virus (A/common teal/Netherlands/2/2005(H6N8)) segment 5, complete sequence		1.183,00	98
		3	CY041381	Influenza A virus (A/black-headed gull/Netherlands/1/2005(H6N8)) segment 5, complete sequence		1.183,00	98
		4	CY041341	Influenza A virus (A/common eider/Netherlands/1/2006(H3N8)) segment 5, complete sequence		1.183,00	98
		5	CY022640	Influenza A virus (A/teal/Italy/3931-38/2005(H5N2)) segment 5, complete sequence		1.183,00	98
1370 bp	NA segment 6	1	Hit CY055177	Description Influenza A virus (A/aquatic bird/India/NIV-17095/2007(H11N1)) segment 6 sequence		1.374,00	98
	1413 bp	2	HQ165998	Influenza A virus (A/chicken/Pakistan/NARC-16945/2010(H3N1)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.374,00	98
		3	JN982513	Influenza A virus (A/lesser whistling-duck/Thailand/CU-W3941/2010(H12N1)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, partial cds		1.374,00	98
		4	JN982529	Influenza A virus (A/lesser whistling-duck/Thailand/CU-W3947/2010(H12N1)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, partial cds		1.374,00	98
		5	JN982521	Influenza A virus (A/lesser whistling-duck/Thailand/CU-W3946/2010(H12N1)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, partial cds		1.374,00	98
FL	M segment 7	1	Hit CY076961	Description Influenza A virus (A/mallard/Sweden/90/2005(H11N9)) segment 7, complete sequence		1.002,00	99
	1027 bp	2	CY043833	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/29/2006(H7N2)) segment 7, complete sequence		1.008,00	99
		3	CY041339	Influenza A virus (A/common eider/Netherlands/1/2006(H3N8)) segment 7, complete sequence		1.014,00	99
		4	GQ325640	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P2 segment 7 matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		1.017,00	98
		5	GQ325648	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P4 segment 7 matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		1.017,00	98
FL	NS segment 8	1	Hit CY005787	Description Influenza A virus (A/turkey/Italy/3620/1999(H7N1)) segment 8, complete sequence		888	99
	890 bp	2	JN029682	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		882	99
		3	CY005792	Influenza A virus (A/turkey/Italy/4169/1999(H7N1)) segment 8, complete sequence		888	99
		4	JQ737217	Influenza A Virus (A/mallard/Czech Republic/14333-1K/2011(H3N8)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		855	100
		5	CY080584	Influenza A virus (A/shoveler/Koymor/118/2009(H3)) nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		866	99

2010-16-104-1K	Gene	Hit	Accession no.	Description	A/mallard/Denmark/16104-1w/2010(H6N2)	Hit length	% Identity
2000 bp	PB2 segment 1 2341 bp	1	Hit CY122315	Description Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/1/2010(H2N3)) polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		Hit length 2.001,00	%Identity 99
		2	JF789607	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/13577-24K/2010(H3N8)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.001,00	99
		3	GQ325652	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P6 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.001,00	98
		4	GQ325636	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P2 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.001,00	98
		5	GQ290466	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		1.999,00	98
FL	PB1 segment 2 2341 bp	1	Hit JQ737227	Description Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/15008-11K/2009(H5N3)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		Hit length 2.309,00	%Identity 99
		2	JN029676	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		2.275,00	99
		3	CY098220	Influenza A virus (A/aquatic bird/Korea/CN17/2009(H6N2)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.309,00	98
		4	JN646704	Influenza A virus (A/duck/Zhejiang/2245/2011(H5N1)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		2.274,00	98
		5	CY098522	Influenza A virus (A/teal/Chany/444/2009(H8N8)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.274,00	98
1900 bp	PA segment 3 2233 bp	1	Hit CY049771	Description Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 3 sequence		Hit length 1.905,00	%Identity 99
		2	CY049755	Influenza A virus (A/gadwall/Altai/1202/2007(H5N2)) segment 3 sequence		1.896,00	99
		3	JN029677	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 3 polymerase PA (PA) gene, partial cds		1.871,00	99
		4	EU492500	Influenza A virus (A/duck/Beijing/40/04(H3N8)) polymerase PA (PA) gene, complete cds		1.908,00	98
		5	EU492504	Influenza A virus (A/duck/Beijing/61/05(H3N8)) polymerase PA (PA) gene, complete cds		1.908,00	98
1760 bp	HA segment 4 1778 bp	1	Hit HQ244430	Description Influenza A Virus (A/mallard/Czech Republic/15902-17K/2009(H6N2)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		Hit length 1.710,00	%Identity 97
		2	JQ737237	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/15962-1T/2010(H6N9)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.710,00	97
		3	HM144392	Influenza A virus (A/duck/Hunan/177/2005(H6N1)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.701,00	97
		4	JF965160	Influenza A virus (A/duck/Eastern China/34/2005(H6N1)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.701,00	97
		5	HM144489	Influenza A virus (A/mallard/Jiangxi/8264/2004(H6N2)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.701,00	97
FL	NP segment 5 1565 bp	1	Hit HQ244431	Description Influenza A Virus (A/mallard/Czech Republic/15902-17K/2009(H6N2)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		Hit length 1.529,00	%Identity 98
		2	CY049781	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1216/2007(H3N6)) segment 5 sequence		1.497,00	98
		3	JN244160	Influenza A virus (A/wild bird/Korea/A14/2011(H7N9)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.497,00	98
		4	CY049765	Influenza A virus (A/mallard/Altai/1208/2007(H3N6)) segment 5 sequence		1.497,00	98
		5	JN244158	Influenza A virus (A/wild bird/Korea/A3/2011(H7N9)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.497,00	98
FL	NA segment 6 1413 bp	1	Hit GQ184334	Description Influenza A virus (A/mallard/Xuyi/10/2005(H5N2)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		Hit length 1.445,00	%Identity 98
		2	CY121937	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/58451/2006(H2N2)) neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.430,00	98
		3	GQ184331	Influenza A virus (A/spotbill duck/Xuyi/18/2005(H5N2)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.445,00	98
		4	CY121929	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/58112/2006(H2N2)) neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.430,00	98
		5	CY049774	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 6 sequence		1.410,00	98
FL	M segment 7 1027 bp	1	Hit JX437684	Description Influenza A virus (A/egret/Hunan/1/2012(H9N2)) segment 7 matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		Hit length 1.020,00	%Identity 98
		2	HM142732	Influenza A virus (A/duck/Eastern China/02/2003(H4N6)) segment 7 matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		1.020,00	98
		3	CY060345	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/5/2001(H3N6)) segment 7 sequence		1.020,00	98
		4	CY005487	Influenza A virus (A/Duck/Nanchang/4-165/2000(H4N6)) segment 7, complete sequence		1.020,00	98
		5	CY005845	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/12/2000(H7N3)) segment 7, complete sequence		1.020,00	98
FL	NS segment 8 890 bp	1	Hit HQ166000	Description Influenza A virus (A/chicken/Pakistan/NARC-16945/2010(H3N1)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		Hit length 887	%Identity 99
		2	JN029638	Influenza A virus (A/canvasback/Mongolia/2-69/2007(H10N6)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	99
		3	EU880346	Influenza A virus (A/mallard/Yan chen/2005(H4N6)) segment 8 nonstructural protein 2 (NS2) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	99
		4	JN029606	Influenza A virus (A/environment/Mongolia/1-33/2007(H4N6)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	99
		5	AB569571	Influenza A virus (A/pelican/Zambia/13/2009(H9N1)) NS, NS1 genes for nuclear export protein, nonstructural protein 1, complete cds		890	99

2011-16-108-2	Gene	Hit	Accession no.	Description	A/mallard/Denmark/16108-2w/2011(H4N6)	Hit length	% Identity
	PB2	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 1	1	JQ737210	Influenza A Virus (A/mallard/Czech Republic/14333-1K/2011(H3N8)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		1.793,00	99
1793 bp	2341 bp	2	CY041265	Influenza A virus (A/common teal/Netherlands/1/2005(H8N4)) segment 1, complete sequence		1.793,00	99
		3	CY043831	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/30/2005(H6N1)) segment 1, complete sequence		1.793,00	99
		4	GU052587	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/2/2005(H5N2)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		1.792,00	99
		5	CY041257	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/2/2005(H4N2)) segment 1, complete sequence		1.792,00	99
	PB1	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 2	1	EU152235	Influenza A virus (A/gull/Moscow/3100/2006(H6N2)) polymerase basic protein 1 (PB1) gene, complete cds		2.294,00	99
FL	2341 bp	2	CY076982	Influenza A virus (A/Bewick's swan/Netherlands/1/2007(H1N5)) segment 2, complete sequence		2.294,00	99
		3	CY076927	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/7/2007(H4N2)) segment 2, complete sequence		2.273,00	99
		4	CY122194	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/72/2005(H2N9)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.295,00	98
		5	CY041424	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/26/2005(H11N2)) segment 2, complete sequence		2.283,00	99
	PA	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 3	1	CY049771	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 3 sequence		1.736,00	99
1736 bp	2233 bp	2	CY049755	Influenza A virus (A/gadwall/Altai/1202/2007(H5N2)) segment 3 sequence		1.736,00	99
		3	JN029677	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 3 polymerase PA (PA) gene, partial cds		1.736,00	98
		4	CY049779	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1216/2007(H3N6)) segment 3 sequence		1.736,00	97
		5	CY049763	Influenza A virus (A/mallard/Altai/1208/2007(H3N6)) segment 3 sequence		1.736,00	97
	HA						
	segment 4	1					
	1778 bp	2					
		3					
		4					
		5					
	NP	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 5	1	HQ244416	Influenza A Virus (A/goose/Czech Republic/1848-T14/2009(H7N9)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.272,00	98
				Influenza A Virus (A/goose/Czech Republic/1848-K9/2009(H7N9)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.272,00	98
1297 bp	1565 bp	2	GU060483	Influenza A virus (A/teal/Chany/444/2009(H8N8)) nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.272,00	98
		3	CY098525	Influenza A virus (A/duck/Zambia/04/2008(H3N8)) viral cRNA, segment 5, complete sequence		1.297,00	97
		4	AB569496	Influenza A virus (A/goose/Zambia/05/2008(H3N8)) viral cRNA, segment 5, complete sequence		1.297,00	97
		5	AB569504				
	NA	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 6	1	CY076954	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/4/2006(H10N6)) segment 6, complete sequence		1.440,00	97
FL	1413 bp	2	FJ434372	Influenza A virus (A/common pochard/Aktau/1455/2006(H4N6)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.440,00	96
		3	FJ434371	Influenza A virus (A/coot/Aktau/1454/2006(H4N6)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.440,00	96
		4	AB701295	Influenza A virus (A/duck/Mongolia/OIE-7438/2011(H4N6)) viral cRNA, segment 6, complete sequence		1.432,00	96
		5	HQ244425	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/12652/2007(H4N6)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, partial cds		1.423,00	96
	M	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 7	1	CY121952	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/68597/2007(H2N2)) matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		993,00	100
				Influenza A virus (A/mallard/Sweden/68735/2007(H2N2)) matrix protein 2 (M2) and matrix protein 1 (M1) genes, complete cds		993,00	100
FL	1027 bp	2	CY121944	Influenza A virus (A/quail/Italy/4610/2003(H7N2)) segment 7, complete sequence		993,00	99
		3	CY021510	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/5/2001(H3N6)) segment 7 sequence		1.003,00	99
		4	CY060345	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/4/2002(H10N2)) segment 7 sequence		1.003,00	99
		5	CY060303				
	NS	Hit		Description		Hit length	%Identity
	segment 8	1	GU182186	Influenza A virus (A/environment/Hunan/6-69/2008(H5N1)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		886	98
				Influenza A virus (A/duck/Taiwan/WB459/04(H6N5)) nonstructural protein 2 (NS2) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
FL	890 bp	2	DQ376795	Influenza A virus (A/mallard/Bavaria/185-8/2008(H1N1)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
		3	HQ259228	Influenza A virus (A/mallard/Korea/GH171/2007(H7N7)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
		4	FJ959090	Influenza A virus (A/magpie/Korea/YJD174/2007(H7N7)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
		5	FJ750858			890	98

2011-16-109-4	Gene	Hit	Accession no.	Description	A/mallard/Denmark/16109-4w/2011(H10N6)	Hit length	% Identity
1649 bp	PB2 segment 1	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY077073	Influenza A virus (A/mallard/Sanjiang/390/2007(H1N1)) segment 1 sequence		1.649,00	96
			JN029675	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, partial cds		1.649,00	96
			CY076920	Influenza A virus (A/common eider/Netherlands2/2006(H4N8)) segment 1, complete sequence		1.649,00	96
			CY076975	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/20/2005(H12N8)) segment 1, complete sequence		1.649,00	96
2100 bp	PB1 segment 2	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY041344	Influenza A virus (A/common eider/Netherlands/1/2006(H3N8)) segment 2, complete sequence		2.097,00	98
			CY122298	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/29/2010(H2N3)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.097,00	97
			JQ737227	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/15008-11K/2009(H5N3)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.097,00	97
			JN029676	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		2.085,00	97
690 bp	PA segment 3	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY098220	Influenza A virus (A/aquatic bird/Korea/CN17/2009(H6N2)) polymerase PB1 (PB1) and PB1-F2 protein (PB1-F2) genes, complete cds		2.097,00	97
			JN029677	Influenza A virus (A/white-fronted goose/Mongolia/1-125/2008(H3N8)) segment 3 polymerase PA (PA) gene, partial cds		691,00	98
			CY049755	Influenza A virus (A/gadwall/Altai/1202/2007(H5N2)) segment 3 sequence		691,00	98
			CY049771	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 3 sequence		691,00	97
FL	HA segment 4	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY098523	Influenza A virus (A/teal/Chany/444/2009(H8N8)) polymerase PA (PA) gene, complete cds		691,00	97
			HQ014767	Influenza A virus (A/wild duck/Korea/HDR02/2005(H1N1)) segment 3 polymerase PA (PA) gene, complete cds		687,00	97
			JN817574	Influenza A virus (A/wild bird/Korea/A12/2010(H10N1)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.686,00	98
			JN817576	Influenza A virus (A/mallard/Korea/1242/2010(H10N6)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.686,00	98
1320 bp	NP segment 5	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			JN817575	Influenza A virus (A/wild bird/Korea/A13/2010(H10N1)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.686,00	97
			JN817572	Influenza A virus (A/mallard/Korea/1203/2010(H10N8)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.686,00	97
			FJ183474	Influenza A virus (A/mallard/Bavaria/3/2006(H10N7)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		1.686,00	97
			JF789619	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/13579-84K/2010(H4N6)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.321,00	99
FL	NA segment 6	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			JN966906	Influenza A virus (A/swan/Czech Republic/5416/2011(H7N7)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.321,00	99
			FJ434377	Influenza A virus (A/mute swan/Aktau/1460/2006(H5N1)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, partial cds		1.321,00	99
			JF745932	Influenza A virus (A/mallard/PT/27972-B139/2007(H9N2)) segment 5 nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.319,00	98
			CY109307	Influenza A virus (A/duck/Guizhou/2773/2006(H6N2)) nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.319,00	98
FL	M segment 7	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			FJ434372	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/4/2006(H10N6)) segment 6, complete sequence		1.440,00	97
			FJ434377	Influenza A virus (A/common pochard/Aktau/1455/2006(H4N6)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.440,00	97
			FJ434371	Influenza A virus (A/coot/Aktau/1454/2006(H4N6)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.440,00	97
			AB701295	Influenza A virus (A/duck/Mongolia/OIE-7438/2011(H4N6)) viral cRNA, segment 6, complete sequence		1.432,00	96
FL	NS segment 8	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			HQ244425	Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/12652/2007(H4N6)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, partial cds		1.423,00	96
			CY076961	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/90/2005(H11N9)) segment 7, complete sequence		1.002,00	99
			CY043833	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/29/2006(H7N2)) segment 7, complete sequence		1.008,00	99
			CY041339	Influenza A virus (A/common eider/Netherlands/1/2006(H3N8)) segment 7, complete sequence		1.014,00	99
FL	NS segment 8	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			CY077025	Influenza A virus (A/northern shoveler/Netherlands/1/2006(H8N4)) segment 7, complete sequence		996,00	99
			CY076922	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/7/2007(H4N2)) segment 7, complete sequence		1.006,00	99
			FJ959090	Influenza A virus (A/mallard/Korea/GH171/2007(H7N7)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
			FJ750858	Influenza A virus (A/magpie/Korea/YJD174/2007(H7N7)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
FL	NS segment 8	1	Hit	Description		Hit length	%Identity
			FJ750868	Influenza A virus (A/mallard/Korea/GH170/2007(H7N7)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98
			GU182186	Influenza A virus (A/environment/Hunan/6-69/2008(H5N1)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		886	98
			DQ376795	Influenza A virus (A/duck/Taiwan/WB459/04(H6N5)) nonstructural protein 2 (NS2) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	98

2011-16-124-1	Gene	Hit	Accession no.	Description	A/mallard/Denmark/16124-1w/2011(H5N2)	Hit length	% Identity
FL	PB2 segment 1	1	Hit JN244101	Description Influenza A virus (A/wild bird/Korea/A330/2009(H7N7)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		Hit length 2.280,00	%Identity 99
	2341 bp	2	GQ325636	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P2 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.341,00	98
		3	JN244102	Influenza A virus (A/wild bird/Korea/A331/2009(H7N7)) segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, partial cds		2.272,00	99
		4	GQ325644	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P4 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.341,00	98
		5	GQ325652	Influenza A virus (A/environment/Dongting Lake/Hunan/3-9/2007(H10N8)) mouse adapted-P6 segment 1 polymerase PB2 (PB2) gene, complete cds		2.341,00	98
1650 bp	PB1 segment 2	1	Hit HM145528	Description Influenza A virus (A/duck/Hunan/491/2005(H6N2)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		Hit length 1.650,00	%Identity 98
	2341 bp	2	AB490824	Influenza A virus (A/northern pintail/Akita/714/2006(H5N2)) genomic RNA, segment 2, complete sequence		1.648,00	97
		3	GU050308	Influenza A virus (A/avian/Egypt/920431/2006(H9N2)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		1.650,00	97
		4	GU396960	Influenza A virus (A/wild duck/Taiwan/WB1364/2007(H4N6)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, partial cds		1.650,00	97
		5	JF965087	Influenza A virus (A/chicken/Eastern China/45/2007(H6N2)) segment 2 polymerase PB1 (PB1) gene, complete cds		1.650,00	97
1874 bp	PA segment 3	1	Hit CY121964	Description Influenza A virus (A/white fronted goose/Netherlands/22/1999(H2N2)) polymerase PA (PA) gene, complete cds		Hit length 1.874,00	%Identity 97
	2233 bp	2	CY060240	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/1/1999(H4N6)) segment 3 sequence		1.874,00	97
		3	AB300228	Influenza A virus (A/duck/Hokkaido/447/2000(H5N3)) PA gene for polymerase acidic protein, partial cds		1.862,00	97
		4	CY049771	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 3 sequence		1.871,00	97
		5	AB300435	Influenza A virus (A/duck/Hokkaido/84/2002(H5N3)) PA gene for polymerase acidic protein, complete cds		1.859,00	97
FL	HA segment 4	1	Hit JQ737229	Description Influenza A virus (A/mallard/Czech Republic/15008-11K/2009(H5N3)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, complete cds		Hit length 1.736,00	%Identity 98
	1778 bp	2	FJ785143	Influenza A virus (A/duck/Tulcea/RO-AI-LPAI/2009(H5N3)) segment 4 hemagglutinin (HA) gene, partial cds		1.639,00	98
		3	CY022645	Influenza A virus (A/teal/Italy/3812/2005(H5N3)) segment 4, complete sequence		1.733,00	97
		4	CY022637	Influenza A virus (A/teal/Italy/3931-38/2005(H5N2)) segment 4, complete sequence		1.730,00	97
		5	CY076929	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/74/2003(H5N2)) segment 4, complete sequence		1.742,00	97
FL	NP segment 5	1	Hit CY121986	Description Influenza A virus (A/northern shoveler/Georgia/1/2010(H2N3)) nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		Hit length 1.540,00	%Identity 98
	1565 bp	2	CY060295	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/48/2002(H11N9)) segment 5 sequence		1.552,00	98
		3	CY122070	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/30/2002(H2N5)) nucleocapsid protein (NP) gene, complete cds		1.540,00	98
		4	CY076940	Influenza A virus (A/mallard/Netherlands/65/2006(H5N3)) segment 5, complete sequence		1.552,00	97
		5	CY041365	Influenza A virus (A/Eurasian wigeon/Sweden/1/2004(H6N2)) segment 5, complete sequence		1.529,00	98
FL	NA segment 6	1	Hit GQ184334	Description Influenza A virus (A/mallard/Xuyi/10/2005(H5N2)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		Hit length 1.467,00	%Identity 98
	1413 bp	2	GQ184331	Influenza A virus (A/spotbill duck/Xuyi/18/2005(H5N2)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.467,00	98
		3	CY049774	Influenza A virus (A/garganey/Altai/1213/2007(H5N2)) segment 6 sequence		1.410,00	99
		4	CY049758	Influenza A virus (A/gadwall/Altai/1202/2007(H5N2)) segment 6 sequence		1.410,00	99
		5	CY121937	Influenza A virus (A/mallard/Sweden/58451/2006(H2N2)) neuraminidase (NA) gene, complete cds		1.438,00	98
FL	M segment 7	1					
	1027 bp	2					
		3					
		4					
		5					
FL	NS segment 8	1	Hit JN029638	Description Influenza A virus (A/canvasback/Mongolia/2-69/2007(H10N6)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		Hit length 890	%Identity 99
	890 bp	2	JN029606	Influenza A virus (A/environment/Mongolia/1-33/2007(H4N6)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	99
		3	CY076896	Influenza A virus (A/duck/Guangxi/912/2008(H4N2)) segment 8 sequence		890	99
		4	HQ259228	Influenza A virus (A/mallard/Bavaria/185-8/2008(H1N1)) segment 8 nuclear export protein (NEP) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	99
		5	EU880346	Influenza A virus (A/mallard/Yan chen/2005(H4N6)) segment 8 nonstructural protein 2 (NS2) and nonstructural protein 1 (NS1) genes, complete cds		890	99

